

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087 (22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die
35 exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

- Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.
50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

30

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

40

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

45

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

10

15

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

25

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

30

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

35

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

40

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

45 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

50

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 **Erklärung der Abbildungen**

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

15 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovartumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
40	Duendarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0126	0.0082	1.5299	0.6536
45	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
50	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
55	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000

	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
10	Zervix	0.0426			

	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
35	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
40	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Uterus_n	0.0083			

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase 0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust 0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
15	Duennndarm 0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe 0.0204	0.0426	0.4795	2.0856
	Gastrointestinal 0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn 0.0274	0.0195	1.4020	0.7133
20	Haematopoetisch 0.0107	0.1136	0.0941	10.6267
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz 0.0307	0.0137	2.2358	0.4473
	Hoden 0.0115	0.0819	0.1406	7.1142
25	Lunge 0.0104	0.0286	0.3629	2.7557
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere 0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas 0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
30	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium 0.0270	0.5277	0.0512	19.5264
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0408	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
35	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0297			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0095			
40	Zervix 0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
45	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0626
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
50	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0285
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
55	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0126

60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
65	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0000

	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
5	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
10	Uterus_n	0.0000

2.1.3

15 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

20 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
25	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
30	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0445			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

55	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

5

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 %Haeufigkeit

Brust 0.0136
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.1418
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0047
 Gastrointestinal 0.0244
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut-Muskel 0.0000
 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0137
 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northernns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
30	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
35	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
45	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
50	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
55	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

60

FOETUS
 %Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0083
 Gehirn 0.0125
 Haematopoetisch 0.0157
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000

65

	Herz-Blutgefäesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
5	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
10	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
20	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
25	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365
	Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0217			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
20	Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0307	0.0226	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0163	0.0274	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0064	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0426			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0702	0.0426	23.4526
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0278	2.0018	0.4995
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0255	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duennndarm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
	Endokrines Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
10	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
15	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
20	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0626			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
	Lunge	0.0650			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0181			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn 0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duendarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.3189		0.0153		20.7988	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust	0.0026	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Eierstock	0.0000	0.0286	0.0000	0.0000	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.0075	0.6792	1.4722	
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0030	0.0072	0.0072	0.4114	2.4307	
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Herz	0.0053	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0058	0.0117	0.0117	0.4920	2.0326	
	Lunge	0.0021	0.0041	0.0041	0.5080	1.9684	
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	0.0077	1.2605	0.7933	
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
20	Niere	0.0054	0.0137	0.0137	0.3965	2.5219	
	Pankreas	0.0033	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Penis	0.0090	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0022	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0068	0.0000	undef	
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
45	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
50	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
60	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
65	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0291					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0077		0.5085	1.9666
	Brust	0.0051		0.0056		0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0030		0.0208		0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0102		0.0025		4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0115		0.0093		1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044		0.0062		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0062		0.0061		1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0120		0.1428	7.0040
	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0267		0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065		0.0021		3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
50	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0260	0.0000	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0118	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
75	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0102		1.1441	0.8741
	Brust	0.0090		0.0263		0.3403	2.9389
	Duendarm	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0156		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170		0.0050		3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0172		0.0046		3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0081		0.0216		0.3771	2.6517
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0065		0.7353	1.3600
15	Herz	0.0117		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0083		0.0020		4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0060		1.9989	0.5003
20	Niere	0.0081		0.0068		1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017		0.0110		0.1496	6.6857
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0131		0.0021		6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0221			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.1014
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenn darm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust 0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duenn darm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn 0.0022	0.0072	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge 0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0182			
	Zervix 0.0213			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0178
	Lunge 0.0108
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0068
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0060
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681
	Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715
	Duenn darm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482
10	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730
	Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
15	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897
	Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551
20	Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755
	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
25	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0528			
45	Gehirn	0.1189			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0371			
55	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0366			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0491			
75	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353	28.3379
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645	1.7715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0241			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Duendarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0022	0.0154	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087	0.1135
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.2721
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0354
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.2685
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727	5.7908
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0970	0.3922	2.5500
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0616	0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795	0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.2863	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust 0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duenndarm 0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock 0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn 0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere 0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0188			
40	Haematopoetisch 0.0157			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0169			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0171			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0328			
	Nerven 0.0080			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duendarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duennndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
15	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
20	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.1083			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0712			
	Lunge	0.1409			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.1297			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duennndarm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
10	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
15	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0679			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1468			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duenn darm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
20	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.2302			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.1632			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duennndarm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.1084			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174
	Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164
	Duennndarm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827
	Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173
	Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0221			
65	Prostata	0.0821			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0416			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
45	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
50	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
55	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
60	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
65	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
70	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
75	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0082
80	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
85	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451
	Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duendarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
10	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.1971			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1040			
	Herz-Blutgefasse	0.0427			
	Lunge	0.1120			
45	Nebenniere	0.1521			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0628			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.1220			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.2211			
	Nerven	0.0502			
65	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.1471			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0341			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0486	0.4014	2.4911
	Brust 0.0064	0.0338	0.1890	5.2900
	Duenndarm 0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock 0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0052	0.0123	0.4200	2.3811
	Haematopoetisch 0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut 0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch 0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz 0.0074	0.0962	0.0771	12.9706
	Hoden 0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0665	0.0573	1.1612	0.8612
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett 0.0788	0.0300	2.6271	0.3807
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis 0.0000	0.0800	0.0000	undef
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1682			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0364			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN.			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0557			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0064			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501	1.1763
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960	0.7163
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duennndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
10	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
15	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
20	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0694			
	Gehirn	0.0938			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1281			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.1381			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0753			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0500			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duendarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.1411			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936
	Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0303			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust 0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duenndarm 0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn 0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch 0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge 0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1101			
	Zervix 0.0106			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0366
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0234		0.0588		0.3979	2.5129
	Brust	0.0179		0.0507		0.3529	2.8339
	Duenn darm	0.0245		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0180		0.0546		0.3289	3.0402
	Endokrines Gewebe	0.0324		0.0251		1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0364		0.0786		0.4629	2.1603
	Gehirn	0.0067		0.0216		0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0174		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0323		0.1471	6.7999
15	Herz	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0115		0.0117		0.9839	1.0163
	Lunge	0.0270		0.0225		1.2008	0.8328
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0383		0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510
20	Niere	0.0326		0.0616		0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132		0.0607		0.2176	4.5964
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0458		0.0617		0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0068		2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352					
	Prostata-Hyperplasie	0.0476					
	Samenblase	0.0356					
30	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0167					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
45	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0325					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
50	Placenta	0.0303					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
60	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0253					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0169					
65	Gastrointestinal	0.0488					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
50	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0500			
	Gehirn	0.0876			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1130			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0402			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129
	Duenn darm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647
	Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857
10	Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329
	Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483
	Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0813
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0145
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.4149
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0573
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
15	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
25	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
50	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
70	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0068
75	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0282	0.5898	1.6955
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0527	0.7439	1.3442
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0687	0.0925	10.8088
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0239	0.0470	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0106	2.8662	0.3489
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.1055	0.1920	5.2070
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0145
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0408
	Gastrointestinal	0.0366
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0151
65	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0251	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0354	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0375	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
20	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.1125	0.9361	1.0683
	Brust	0.1164	0.1015	1.1468	0.8720
	Duennndarm	0.0491	0.0662	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.1015	0.4723	2.1173
10	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0251	2.2415	0.4461
	Gastrointestinal	0.1015	0.1758	0.5777	1.7311
	Gehirn	0.0296	0.1273	0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.2166	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813	1.2800
	Herz	0.4133	0.2612	1.5825	0.6319
	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989	0.6254
20	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278	0.8145
	Magen-Speiseroehre	0.2126	0.1073	1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805	0.1680	0.4793	2.0863
	Niere	0.0543	0.0890	0.6100	1.6393
25	Pankreas	0.0562	0.1712	0.3281	3.0479
	Penis	0.1497	0.2399	0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850	0.0362	2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0457	0.1019	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
35	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0639			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0361			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0961			
	Lunge	0.0867			
	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.1151			
	Prostata	0.5984			
	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0466			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1474			
	Nerven	0.0110			
75	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0213	0.1288	7.7625
10	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duennndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0089	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
25	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243	4.4591
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680	0.4223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254	4.4364
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0098
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0060
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0113
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0191	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0110	0.0320	0.3435	2.9109
10	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333	1.8752
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531	0.7390
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0111	0.1546	6.4671
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370	0.8795
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353	1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0162			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198	1.0872
	Blase	0.0039	0.0188	0.2075	4.8204
	Brust	0.0114	0.0281	0.4070	2.4568
	Dickdarm	0.0211	0.0142	1.4801	0.6756
	Duennndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0286	0.3111	3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0151	1.0599	0.9435
	Gehirn	0.0211	0.0110	1.9234	0.5199
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0178	0.4523	2.2108
	Lunge	0.0136	0.0111	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5666	1.7648
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0185	1.0206	0.9799
20	Niere	0.0157	0.0145	1.0831	0.9232
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1352	0.3190
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0077	0.0230	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0069			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0136	1.1037	0.9060
	Blase	0.0273	0.0211	1.2907	0.7748
	Brust	0.0229	0.0632	0.3618	2.7639
	Dickdarm	0.0268	0.0256	1.0466	0.9555
	Duenn darm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0501	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0142	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0041	0.0160	0.2539	3.9391
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465	0.0254	1.8311	0.5461
15	Herz	0.0091	0.0412	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0204	0.0185	1.1050	0.9049
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0384	0.7557	1.3233
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0185	0.3711	2.6946
20	Niere	0.0537	0.0289	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0380	0.0110	3.4403	0.2907
	Prostata	0.0330	0.0130	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0148	0.0138	1.0709	0.9338
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109	1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498	1.0528
	Duenn darm	0.0247	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354	4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0128	2.8338	0.3529
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895	1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131	8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155	0.7601
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0470	0.0048	9.7491	0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013	0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0088	0.0253	0.3479	2.8744
	Dickdarm	0.0192	0.0028	6.7278	0.1486
	Duendarm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0035	5.4321	0.1841
	Gehirn	0.0081	0.0249	0.3249	3.0774
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0126	0.0037	3.4204	0.2924
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0104	0.0052	1.9897	0.5026
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0092	1.7670	0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0191	0.1555	6.4291
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671	1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093	3.2335
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0167	0.0197	0.8499	1.1767
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duenn darm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0321	0.0248	1.2934	0.7732
	Gehirn	0.0365	0.0170	2.1504	0.4650
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0426	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0272	0.0222	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0246	0.0145	1.7022	0.5875
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125		0.0407		0.3066	3.2617
	Blase	0.0117		0.0164		0.7112	1.4061
	Brust	0.0123		0.0098		1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057		0.0057		1.0092	0.9909
	Duenn darm	0.0165		0.0000		undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030		0.0143		0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0096		0.0195		0.4938	2.0250
	Gehirn	0.0122		0.0070		1.7408	0.5745
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0071		0.0137		0.5169	1.9347
	Hoden	0.0201		0.0059		3.3928	0.2947
	Lunge	0.0117		0.0148		0.7893	1.2669
	Magen-Speiseroehre	0.0072		0.0320		0.2267	4.4110
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0045		0.0096		0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017		0.0055		0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066		0.0117		0.5627	1.7770
	T_Lymphom	0.0126		0.0149		0.8453	1.1830
	Uterus	0.0059		0.0322		0.1836	5.4469
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062		0.0304		0.2029	4.9287
	Haematopoetisch	0.0107					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0141					
	Sinnesorgane	0.0235					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0111					
35	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
40	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0220					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0421					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0211					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0248					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0232					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025		0.0136		0.1840	5.4361
	Blase	0.0039		0.0117		0.3319	3.0130
	Brust	0.0246		0.0070		3.5068	0.2852
	Dickdarm	0.0287		0.0399		0.7208	1.3873
	Duenn darm	0.0082		0.0426		0.1932	5.1750
10	Eierstock	0.0148		0.0381		0.3889	2.5717
	Endokrines_Gewebe	0.0161		0.0266		0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0220		0.0130		1.6961	0.5896
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0381		0.0000	undef
15	Herz	0.0132		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0214		0.0129		1.6538	0.6047
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0064		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0134		0.0193		0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0264		0.0276		0.9573	1.0446
	Prostata	0.0075		0.0104		0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0227		0.0373		0.6086	1.6431
	Uterus	0.0059		0.0138		0.4284	2.3344
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082		0.0607		0.1353	7.3931
	Haematopoetisch	0.0053					
	Penis	0.0161					
	Samenblase	0.0141					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0056					
35	Gehirn	0.0375					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0142					
40	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0499					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0136					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0195					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0121					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0000					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149	2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383	7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089	0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0128	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236	0.6159
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287	0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458	0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

15

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB),
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

30

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap
35 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes
(<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
(<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9	
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11	279/F/14
9	501/L/21				
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20	
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22	
29	382/N/10	539/L/7			
31	530/D/11				
35	503/N/10				
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6		
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15		
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20	402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3		
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19	
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24	

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
1	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542, 2540, 2456; D1S448-D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462
2	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p22.3-p23.3	SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR-A006H24; D2S392-D2S390
3	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)
4	in Ovariumorgewebe überexprimiert	P52rIPK		11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
5	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-31641
6	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
7	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
8	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q24	SHGC-36699
9	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
10	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PHD		
12	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
13	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p23	WI-6841; D3S1599-D3S1583
15	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
16	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	CDA1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591
18	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
19	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
20	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26.33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427
25	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene		7q32.3-q33	AFMc024we9
26	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC-35513)
28	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607-D10S201
29	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR-A005U01; D11S913-D11S1314/RH:SHGC-14407
30	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13-q13.2	AFMb018wh1

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
36	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21	WW_rsp5_WWP		
38	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein		2p13.1-p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	siSG31094; D2S292-D2S145
39	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205yf10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	Sec1	17	
41	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine	kazal		
42	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein		8p22-p23.3	BDA16f11; D8S549-D8S1733 bzw. S280
43	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidored_q1_N		
44	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)
45	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21-p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551-D10S532
49	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	siSG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid C40H1		1q22	WI-7155
51	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>C. elegans</i> cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08; D7S506-D7S499; SHGC-17265+11581; D7S499-D7S2429
52	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372
53	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>B. taurus</i> mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575
54	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders		20q13.33	SHGC-11512
55	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3-15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des <i>R. norvegicus</i> intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409
57	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581-D10S210
58	in Ovariumorgewebe überexprimiert	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3-15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046; D15S1187)
59	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408-D16S3089; Cda01g10; D16S419-D16S415

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human tetrapeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human tax1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human prothymosin alpha			
73	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human profilin	profilin	17p13.3	
74	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271
76	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredo	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131; sISG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477; WI-14191; D8S269-D8S1799 +2 weitere auf Chr.8
82	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human major nuclear matrix protein	RBD; ZF_MATRIN	5q31.1	SHGC-3183
84	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164; WI-8140; D2S143-D2S164
85	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32	
86	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGC34003)
98	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7tm_1; G PROTEIN_RECEPT OR 2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPTi;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogetische Lokalisation	nearest marker
107	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602)WI-2775; WI-7265)
108	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Histone H2B	histone; Archaeal_histone	6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Icln protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BIP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S260
114	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;; WI-30446
115	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Sm protein G		18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for glutathione peroxidase-GI	NLS_BP; GSHPx	14q24.1	
120	in Ovariumorgewebe überexprimiert	CDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S264
121	in Ovariumorgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin		DXS255-DXS426
122	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Annexin II	annexin	15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	in Ovariumorgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78
258	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
1	124	125	126	127	128	129
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

5 (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- 10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovartumorgewebe

- 20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284

- (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- 25 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2434 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 45 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5  cgggatttta cccgggttta aaagcgaacc ttctcccggc tacaccgaa ggtacccaaa 60
   tatgggtagg tccgggttttc caacttgga aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
   ataaattttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
   ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
10 ctttcacttc atttgtgttt ttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaaactgg 300
   ttttaaatat tggacatact gggtttaata cctgctttgc atattcacac atggccaact 360
   gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta actatatgta 420
   ttttaactta gttttaatat ttctattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
   agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
10 aaagcacatt tggtttatta acccttgctc ctgcatggc tcattagggt caaattataa 600
   ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaatgctt gagtttccca ttttaaaatc 660
   taaactagac atcttaattg gtgaaagttg tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
   gtgtcaagtg aagtatgttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
   gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
15 catttggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
   gccaccattt aacccttctt tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggt 960
   gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgaagg1020
   ttggaacagc agcactatac atgaaatata aacaaaaaac ctttactgtt tctaaatttc1080
   ctagtgtct attatttggg tgtaagttga gtattccaca gaaagtggta attatctctt1140
20 ctctcttctt ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcccal1200
   cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagtgt tctaggattg tcttttattc1260
   tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc1320
   acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttaa aaatatggal1380
   catcttcaat cttaaacatt tctatttagc tgattgggtc tcacatatac ttctaaagal1440
25 aacttttatg ttataagagt tactttttgg ataagattta ttaatctcag ttacctacta1500
   ttctgacatt ttaggaagga ggtaatgttt ttaatgatg gataaacttg tgctggtgtt1560
   ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata1620
   ttacacaca tacgtgtctc ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgaccattg1680
   ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtggt tttagacttt tcaagtatct1740
30 aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat1800
   agaaaaacac tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tcgtgagagal1860
   caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagtgg1920
   tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgccctctag ttcaactttgt gtcaagagct1980
   aaaactgtga acctaaactt ctctatttgg tgggtaataa ctgaaaataa agattttatt2040
35 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaaa aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt2100
   gtttctctgt ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt2160
   ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact2220
   tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa2280
   ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgataa2340
40 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tggttgacaa acgggcctaa tagtccgggg2400
   ggaaatccct aacgggtaag ggtccaagt atgg 2434

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttggttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagaccg ttggacctgg cagggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
15 atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgacct tgcactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatag660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttggt gaaaaaagtg ggcaagacat720
20 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggt aaagactttt taatttttaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

45

```

attccaaaca tggcggctcc actagggggt atgttttctg ggagccacc cgggtcccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120
50 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccggtggt240
gatcagtgta tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacia300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccccg cgacatccct480

```

cagggtcct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca540
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttggccac600
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660
 ttagttttat gctccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720
 5 gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta780
 gcaaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgcttgtt840
 ttaaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2901 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aacccagcg aagaagagg 120
 35 tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aaccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggtct ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaag cggtttgaga caacagcagt 360
 taacacgttg tttgttcaa aaacacagca gaggcagatg cttagatct gtgagagctg 420
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaagtga agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480
 cgatgtagtg gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg cttcctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tcgtggccag gcttacattg tctctagtgg atttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720
 45 tagactttta gagaaatc cccaagctat ctacacactc tgctcttctt gtgccttaaa 780
 tatgtggttg gcaaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
 ggaagtttgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaagaaag gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagtg gaactcctgc aagcacttgt 1020
 50 tttatgttta gatggtataa atagtacac aaatattaga tggaataact atatagctgg 1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcattgtta ctattgttgt 1140
 tcttaaaaat gtcctatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200
 tgatgtcttc tttgcggccg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga 1260
 tggaaaatat tgaagtttat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaacca 1320
 55 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg 1380
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc 1440
 acattattca ggaacttaaa gatatttct cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct 1500

```

tattctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg1560
ctgacatgta tagaagtgc ttaccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt1620
ggagaatcaa atggaacac aggggaaag atataagct tccgtccacc atctatgaag1680
ccctccacct gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcattgctg aaggctcctg1740
5 gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatga aaatggacga aagcgtctta1800
aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggccaag taacttggct ttgcttaaca1860
taaattttga tataaacac gacctggatt taatgggtga cacatatatt aaactctata1920
caagtaagtc agagcttctt acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt1980
ttaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
10 ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
atctacctgt ttaaattggc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgcgt gatctctgtt gatggcactc2220
tggaattgtt tcagttaagt ctttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa2340
15 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta2400
agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac2520
aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
tggaagcctac atcttcctaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg2640
20 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt2700
ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc2760
tacaaaataa gtgttgttgt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg2820
tgaagaaaaa caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttta2880
aaaaaataaa aaaaaaataa a
2901
25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

50 aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
acaacatgac cggaagatt tcctaattctc accacagcct ggctctacct taagtcttta120
ataaaagctt gactgaaggt accaagggtg gctgaagtgg aagcaaaagt ctccaaagtc180
cagcatggta gacatcagtg gtggaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaatggaac ctcaagtcta tgaggtccag ctgccctccc caccagaaag tccttgttcc300
agcccaacat cagtgcctct gagtttgttt actagaaaca aaggaagaat ttccttgttaa360

```

aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgac gaaggatgga ttctccatt420
 ccataaccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480
 agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540
 aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30

gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg ttttctcact cttctttttt tccttctttt 60
 atccctcact cctccccta aacctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
 tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180
 attattcatc cacttttttt agtatctact aacaactcct tttttctct agagagtatt 240
 35 gaaggacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttgtt ttatcagcag 300
 ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa ttgctactg aagctttatg 360
 gcttgtttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggg gaaagtcact gaaacactca 420
 aggcataatta ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag ttgacataat gaatatgaat 480
 cccattgggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtattt tcttgaactg aaatatgtga 540
 40 ctcaaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgtgg acaagttgac 600
 atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa aatgcatttt cccttgtcct 660
 gtctttaact agatatacat gcttatattt atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720
 tgtatgaaat ttttatttat atcagtgtt ttaataatga agatattttt ggagtaattg 780
 tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgctttttt 840
 45 tgtttcatac taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
 attaaaatca tttgaatatg tatgctgtga tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960
 ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaata agttgaagaa1020
 ttttatttcc tgaccatgca tcccctggat tcttgagttt cagttcagat tgtagatgac1080
 aatataagct gccttccgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtccattt tccccatgga1140
 50 agaagcccgt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagtaaatg1200
 tatttttctt attaatgtt tgccttagga atgatgaatt acattttttg ttccttctta1260
 ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttccttgat gttgtttctt tataaatggt1320
 tgagctgctg atgcaggtat tgccaagcta acagtacaaa tcatttttaa gaggaagctg1380
 gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
 55 acttttaatg ctgattaaag gagtataagt aaagaatcac taggtatata taattgggtga1500
 gacaaatatt cactttattt atattttata tattattttt ttaatttggg aaatactatc1560
 cagttttgta gttgtccttg ttgatttgtg tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620


```

gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttgg actgggaggg atgatttaaa1680
tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgctcag acagaaggta1740
gctataaagc tacctgttaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatcctccc ctttaggagg1860
5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tgttgaagaa caaagaaaga1980
ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
aaattatcct gggcaagggg aagtccaggc caaaactgtc cttctcatta aaaaccagg2100
attaaattgc aaactctgaa ctttttacia agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
10 tcatgttgaa gtggtttttt gtttttggtt ttgttttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt tttttttttt ttttttcctt2280
ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgcag tatttttcac2340
ctgtttggat tctatattag tggctcgagg aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
ggtctgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
15 ataagtctgg ttttgctgac tttttgtttt tttatatatt tataaaaaaa gaaaaagttg2520
gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgtat tggtaaacca2580
gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcctgataca ggtaaggaaa cagttggtca2640
actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gtccattttg tttttatttc2700
attgacaaaa tcaaacccagc attccccatt gtgtaataaa atgattttgc tgaataaagt2760
20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaacaaaaa aaaaaaaaaa 2809

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

45 agttcggcac agagaaagta ttttaacctt cctgtagaga tcctcgtcat ggaaagggtgc 60
caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttcccac cacacgagg120
cttttgattt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttgagg180
gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggc240
50 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
gaggaaatca ggcatatgac ttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
ctttgggttt cctagctcca taccacacac ctaaaccctgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
55 agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tggtagcatt600
aaattgggtt ctttaaaatg ctttggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
tacaacacaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt ttagacttaa tcacattcta720

```

gacttgtagag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
 tgtcttagct gtaaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840
 gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
 aaaaaaaaaa 910

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

gcgacggcgg cttagaaagt gcttcctgga gcgcagacga ggatcatgaat catgtgacgg 60
 tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
 cagccagaga accccaggcg tggagattga tccctgcgaga gaagggggtt catcatggcg 180
 gatgacctaa agcgattctt gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggct ccatgccatt 240
 gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
 catgctttgc gacctgggtt cttatccact ttgtcccttg caacagacca aggaagcaaa 360
 cttggacttt ccaaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtggttcaa 420
 ttaaatcggt tacctttggg ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
 attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttgtttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
 gtttcttaat ctgacagtgg ttccagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggtccc 660
 tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
 tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
 ttcagtctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
 attcagtggg tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgcaa 900
 45 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960
 gacatatttt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
 cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080
 agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatga1140
 aaatgaaaaa tatagctaat gttttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagttg1200
 50 tttaatgttt gtgtgttctt cataaaatth aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
 tagtatgtat gtaaacatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
 agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat tttttgttc agactttttc1380
 caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
 ttgtaaa 1447

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```
25 agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgtg 60
aaggcccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gacccgggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
cccatgaaa agctgtgggact ggccctgggc atcggtctcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
30 atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggtctc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttgg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgag accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgagggtcca540
ccagagggcg catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caataaaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
35 aaaagtcgac c 671
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 803 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```

gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaaagt tcgatggact120
10 ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaataat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcca tagtggatag catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatcccag atggagaatg gttctgcca ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
15 ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaag ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaaag aagccgatgg aggaggagtt720
20 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttgatgaaa aaataataac ggc 803

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

agcacttcca ggctggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
gtcgagcggg ggagcggcgc tgctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcgttggc120
50 tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
ccaagtgcga gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacggtcat240
tctcatgaag atgacaatcc atttgagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300
aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
atgctgggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420
atggaccaaa tccaagacca gtttaattgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttggtcc tggggtgaag540

```

tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttggtgga tgtagcaciaa tttccacact600
 gtgaaggcag tattagaaga ctttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
 gcattgccaa agtttttgtt agtcttgcac gcttaataaa agtgctgaga cacttggttac720
 ctaagtaaaa agcctggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780
 5 cttggatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

30 ttggtttccg ggcaccaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
 tggattacc gtgtggggtt tcgttttttt cgtgggtggt tatttgattt tgattttttt120
 ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180
 tagtgcttag ggtaattttt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
 35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tggtggattg aacaaaataa tatgtatttt360
 gatttactta aagtgttgtt aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
 tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
 40 tgggaaccgc acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
 cttgtctaata tc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

gcggtattaa	tatttaattt	atttttttta	cttataggtc	atgttgatgt	ctatgataaa	60
cagatgtttt	gcctctgaca	gcagaacttc	ctttcatttt	tctcattcgt	tttctttgggt	120
gggttcattt	ttttgaatca	accacacttc	attattttcta	ttaagcaatt	tgacaggact	180
gttgtagcct	gcagtgtagt	aaacctttctc	atcgaaaact	tttccatctt	cccttaaaat	240
ctgtgctaatt	gtcaaaagtt	gtctcttgatt	ctttttgggca	ctagaaaaatc	catcgaaaga	300
ccgtacaaac	acagtcattt	cggtctctatc	tccaattgaag	acatctgact	ctaaaggcct	360
gggtggatca	aattgctgtt	cagagggaat	atacagggaa	atggtaatgg	tagactcact	420
aaaaggacct	gaaccaggct	ccacgtagct	tgtcactgga	gctgtcatct	ttattttcat	480
ctctttctcg	tttttgacct	gaatgtagct	gttcagtttc	gtaaagcccg	tctggatggc	540
tgaattcccag	tccatgagct	ccaaggacgt	gctgaccac	ttggctggtc	catagtgctg	600
gatttcataa	cttcgggct	gggggcgggc	gtctcccggt	gccttcagc	ccggcgctct	660
cacagcttg	gccgcgcgt	cctcggccgc	cccggggtct	ggctggagcg	gctcgcccat	720
ggcgcgcggt	acgtctctgg	agcctgggtca	gccgcgcaga	ggccccgcac	cccgggccgc	780
ccgcgctg	tgtgcgcgc	ccgcgagggc	cccgagtc	cctccgcaga	cccggtccct	840
ctcccgccgc	gggtggaga	cccgaagcca	cccgatgcgt	ctgcctctgg	accgcgaggg	900
ggcgcgccca	ccaaaggcgg	gcgggtcac	gacccggac	agctccggcc	ggagttgcgc	960
gtcctgcccc	cgcccccccg	cggcgacagg	gag			993

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) **MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaaatcctt ggaggggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgtggg 120
agggagagcc tctctcccc tttctgtgt gagaggaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaattgtgc aatgtgtcaa gtagcttggt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240
5 ccattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa tttaactttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattggtct gggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgattc cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gaccccctag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt tccccctcca agtttgtaac actccccttc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
10 ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctggtct aatgtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
tgggtgggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctggtttt ctgactgtta atgcaactgt gaccttcata 780
atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
15 atgctttatt aaggctcttg tttcacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc tttaaagtcc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgtc 960
agtatttggt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtg taaaatggaa aacaggaaaa1020
tggaaaaatc tgaccaattc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt1080
gtatagatca cacaccggct gtatttaata tgtaacattt tcacacatat taaagatacal140
20 gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat1200
ctgtctagct atctgttggg gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
attcttgtgt atgtatattt gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
atatatagat aatatataaa ttttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa1380
ttccacagcc tgtgaagaaa tttttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca1440
25 taacctaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgaggagg actttcttgc1500
ttgaatctgt tccggctgt ctgctctgt catcaaattg gcaggctctg aatggggcac1560
cttcggccgt tcagaaagg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcggacaca1620
ctaaggtttt gattttgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaaga gtaagctaac1680
cacagggatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta1740
30 gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt ccccgattg gcataccacg gcgtggacag1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatatataca1860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gttgatctt cctggaaatg agcagtgact1920
aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
tcatttcggt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
35 acttgatttg ctgggtttgg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
attccattaa gcaagaagg aagcaaaaaga caaaaaaaa aaagggaaaa aaaaaaaact2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 986 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggatacttg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
10 gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgtag240
attgcatctc agtggttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcgaca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaata420
aaatatctt tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
15 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga ttttttatt ttagtatttc ctgttttggt540
ttatttgcac cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taatctttgc ctggagtgac actacactct agaatttcca ctttgagaa tactcagttc720
caacttgtga ttcctgatag aacagacttt acttttctag ccagcattg atctagaagc780
20 agaggaatcc cagcgccctt taaaagtgt tatgtggtt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttgaaaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggaggggag aagaga 986

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tgttatatac caggcaaaaat 60
ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca ttttttggt tactcttcat240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaataa ctgcataatg gtatagacca tttaatatc300
caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttggtgt tgacaaagcg360
55 tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtgg aacggtatga tacctaaaaa420

```


gaaaaaagag ttaatcacct ctccctggata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480
ctaaattgat aattgccttt ctatgcttat aatgtagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat 60
ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcata gctatgcata 240
acagatgagc ttgaaagctg cagagtttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
agccagtcac gatattttatt taatttgttg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcactctgag aacttgacaa tggtttttgc 420
ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggt 480
tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
tttgccctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660
acgtcgtggg gggctaagag cttctttggt atatttgctg gaaaaataca ggcttggttt 720
ccttctttct atctgtgttc gtgggatggt atcttcagtg aagtctttcc tggttggtga 780
gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttctttcct 840
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaaggat cctcatactt 900
ctcgttggtg tctgagctct tggctgaaca aaatttggtt atgatgccag aagttttttg 960
ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctggt1020
ttcttcaact gtcacactga gggcttcacc acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt1080
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac1140
agattctctt ttgctatcac ttgaaacaaa acctgaacag ctcttctctac atcctttttt1200
agttttctta attgggatc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaacctt1260
tctgaagta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaaatgag tgggaagtaa1320
gttagagagt cctctgctct cctgcaactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc1380
ctttttgcac ttgcttcggg tccctgaggt ccagtttgaa ttgttacttt ggttttgtag1440
atgggatgtc agggctgcca tgctgcagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga1500
aagtacagta aatcaaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata1560
attagcaagt gaacttttgg atctgaactt cagtccttgt gggctagaaa atgatattaa1620
aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat1680
ttctaattaa tttccaaatg ttgccatagg tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga1740

taaattggcac ttttaaattgg tttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

30

```
gttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60
aatagatcta tttattccaa tgcaaattgt gtaacattta tttcttcctt gattttttaa120
aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctctta cactgagttc ttttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaacaaca300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360
ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcag gtagagttaa420
aaaaacaata taagactgtg gtaaggtaca aacgcaaag caatttgcgt tgactaattt480
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tgttctttct ttcctgccac aagacaggg540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcagggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600
tctcaaaggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaag ctaagagcaa gtaacttata660
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgttt720
40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```
agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttgggttgca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
tgttttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccocagga aaacctttgg gactttcaga180
gacattgtgg ctagccaacc acatgggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatcctc tggaagtatg ctatgtttgtg tatatcttgc atccaaagcc agagggaacc360
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg ccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
atagtggcgt tcagctgata gagcggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaattcct gaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```
cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtgcgc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcatcctt gtttttggac240
acagtctctt tactcagatc agctagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaaggtct gttgattagg ctggggcg 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25

cgagggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcggccg gactccgctc agtttccggt120
 gcggcgaaca ccaaagtcgg ggaacttaag cattttcggt ttctagggtt gttacgaagc180
 tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240
 30 cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
 aatgggcttc ccaaactc ctactggttg gacctctggc ttttcatcct tttcgatgtg360
 gtgggtgttc tctttgtgta tttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa420
 gttgggtctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480
 tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttctct ttcattttac actttgttac540
 35 taatttgtag aactctatta attggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
 attaaaccct ttgggtcgtg tttaaaaact ttcaaaccat tgatggcttt acaggggctg660
 aatataaaaag cttttgtact taaaggtctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
 tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
 taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaagg840
 40 ttttgagagg agggggggccc aaggtgttcc tggggtttgc cgaggggaggc 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaaag gtgttgccggc tttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtggtgctg ccagagagac aaataccgat actttgcttg ttgatgaga120
15 gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct240
cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360
aagaaactgc ggagggaaaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420
20 cctggtggtc ctttaactga agctttgcc cctgcccga aggaaggtga ttgccccca480
ctgtggtggt atattgtgac cagaccccg gagcggccca tgtagaaaga gagagacctc540
atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc600
agtgaatgg taaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ctcgagccga attcggtctg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
50 acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt ctttctgtct ggtggcactt 120
agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggaggaggga ttttatggag aaatggggat 180
agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
ttattatact tcttaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300

```

aaactatcta aaatagagca ttttggtatc tttcatctga ccattccatat ccaatgttct 360
catttaaaaca ttacccagca tcattgttta taatcagaaa ctctgggcct tctgtctggt 420
ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
tggggatagt cttcatgacc acaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
5 gaaaaggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
tgttacttga ctttctttga aaagcattcc caaaatgctc tatttttagat agattaacat 660
taaccaacat aatttttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
tggttcatct ctttcacctg cattttattt ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
gcaaatacga attgtactat ttgtaccaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10 tgtgggtgat tattaatatg aaaaaaaaaa tttgttttcc taggttgaag gtctaattga 900
tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaag aatttgcttt caaaataaat 960
gaagagcagc tgtccttctt tctcttttta agtggtcagc tgtggcatgc tcagagggttc1020
ctgctggatt ccagctggag cgggtgtgata ccctctttt tcagctgttc gtgccttctt1080
ttcttgtatc caccaaagtg gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt1140
15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat gggttggat cactgtaaatt1200
aaaaagaggg cctgggaatt cttgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

40

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggtctc gcgatatctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagtgag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt120
gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggatc tcgcgaaagg aaagaggctcg180
45 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaaggt gcttaggaag ttgaaaggcc240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtctg ggattcggac ggagagcgcg360
aggactcggc ggctgagcgc gcccgcagc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc420
gcattcgcat gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgact gaccgtgact480
50 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcctcaagcc gtcgattcc ttctctgccg540
gggagccccg tgtgctgggc ctggccatgg tacccggaca ccacatcggt tccattgagg600
tgcagaggga gactctgacc ggccctcgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25 gcgagtattt attttttttt tttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60
 agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
 tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcaccac tctgcctgta acttagaaaa 180
 cagcccctac ccccgagggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240
 tagtttgctc gagctagaaa actgttacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
 acttgctctc tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cttttttaaa aaacatcagt 360
 30 tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
 ctgcgtagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480
 cttacacaga gccagtagta gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540
 acatcaaacc tttagccaga catatctagc ctacagaagt caaaaaaaaa aaaagcccc 600
 aaacgaagac acccactg agtaggggtc atgcccgtgag tgctgtaac aagattaaaa 660
 35 agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttcccctaa 720
 aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
 tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgactgtatg aaggctgtca 840
 cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccactg 900
 gacccactg cagccctgcc cagcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
 40 agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga1020
 gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg1080
 ttctgtgccc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccctccag gagaggtgcc1140
 accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagca1200
 agcagccccc attgaggttc caaggtcggt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca1260
 45 aagcgacagg ggggtgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca1320
 agtaaacata aaccaccaa tacttagaaa aggcctgtaa acgagtgatc cgaaaggttc1380
 tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtctttagt1440
 gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggctc1500
 ggatcgcaag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctgggtccg1560
 50 gatccttccc ccgcatgttc atagacggac agacttctac tttagctgc tagaaaagag1620
 ctgagtctgg tgtccctca ggcggccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta1680
 gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt atttggttc tgattgacca ttgccaagat1740
 ctgagtgcga atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaag agccccccag1800
 acacgtcatt cagctcagag taagacccca gggttgaggc aaggcagtag agcttgact1860
 55 ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgtccat cccacactga1920
 ctctcct 1927

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 672 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```
25 gccttttttat tttttttttt tggctcggtat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
   cagttaatga ttgactaact ctgtgtgttc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
   agggctacag cgctgctttt atgctacacg ggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180
   aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcacccatca tgggaaacac cttccctttt240
   cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
30 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggctc taagggtgcc aagaagtctca360
   ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac ttctggaatc gccaaagtcaa aactttctaa420
   cttctgtctc tctcagagac aagtgagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480
   gaaaactggt gttaccacaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
   tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttagggtt tcttctcttt cctttctctt600
35 tgttttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660
   ctcagagggt gc 672
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcataccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgcgc cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagttg gggtgaacaa ctcatctgga ctacagcgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 604 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc ccccgacact gagagactcg cctgctgccc 60
tcttgcgcgc gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta gggccagaa120
tggtacaac agtcctgat ggttgcgcga atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtcc tagaaacggg ggccacagcc ggggttgtga240
cctcggtggc cttcatgctc actctcccgga tcctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tcctcctggg tgtgttgggc atctttggcc360
45 tcaccttcgc cttcatcctc ggactggacg ggagcacagc gccacacgc ttcttcctct420
ttgggatcct cttttccatc tgcttctcct gctgctggc tcatgctgtc agtctgacca480
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatgtt atcgtatttg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt 604

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

25

30

35

```

ctttaatgtg cctagagcaa tggaaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120
gttctaatacc tcccttacac tcattccttg tccattgtat tctgaccaca tccttaataca180
tggc caaaac tattgagtc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360
tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtgggtgga gggagatggg tctggcaggg420
gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480
actgattata accactcggg caccatcgat gccacagaga tgaggacagc cctcaggaa540
gcaggtttca cctcaacag ccagggtgcag cagaccattg ccctgcggtg tgcgtgcagc600
aagcttgga tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gaccctcttc660
aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720
tggctgtgct gcgtgttggt ctgacccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
c

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300
gtgg 304

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgtc tcggacactt 60
cggatccatg gtggccaccc caagacgcgc cccagccgcg catggcccgg atcctccggg 120
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttgttccg ccgggcccgg gacaagagaa 180
gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggatccatc tacgagtatg gagccctcac 240
catcgatggg gaggaataca ttcccttttaa gcagtatgca ggcaaatata tcctctttgt 300
45 caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360
agaacttggg ccatttggct tggctattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaca 420
ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac cagggtgggg 480
ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
attctacact ttctgaaga actcctgcc tccactgca gaactcctgg gtcacctgg 600
50 ccgcctcttt tgggaacca tgaagatcca tgacatccgc tggaaacttg agaagttcct 660
ggtggggcca gatggcatac cggttatgcg ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780
actgatgcc ccaccctacc cctaccctc gcccacatg caagggccga ggaggggctc 840
ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctacccccc cccagattct ctttcttatt 900
55 acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

```

tcccagtgtg tgcattggcta cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatgggtc1020
catctgtgtt tacggcttg cacaacaccc tcatattttt ttcagctttc tgttccaaat1080
gagcccaaag gaaacacaag ttctaggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc1140
5 ttggggccag catctccac atgccacac tacacaccac cagcctcctt cttccttctc1200
gaaggaccct cctgagcccc caagcccatc ccacagtgtc cctgagacca gccaagacaal260
ctgtgagcgc gatggccgtg taccacaggt caggggtgtg gtctctatga aggagggggcc1320
cgaagccctt gtgggcgggc ctcccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgatt1380
caggttagg ctcccaggca gggacactac cccgcgcct ctggaggaca tgctatcctc1440
10 tcaactctgc cactggtatc tcaacacccc catctgcccc gtaaagggtc ttctgcagca1500
aaaaaaaaa agaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1528

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 499 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

35 ggcaggtctc agcgtctctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgcccttggc 60
cttaggaccc aacttctctt accgcatg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
cctcccagaa gcccggtgtg gggcggggcc acgggggaga tcccaagtc agtccccaca180
aagttcaggg ccggtcggag gcaggggcag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtgaagtcc cagctgctg300
gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaagaa gcccaaagtg aagaagaagg360
agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggagggtcc ccaactgaagg gccctggaca420
gggctcatta aaccttcctc tctgcctacg agtaccaccc acctggagct .aagatgctta480
45 ggtggggggg ggccgcca 499

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

20

25

30

35

40

```
gggcacccgt tagttgggaa cagcggaaacg ctgggtcccg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcggaggga ggttcgggtg ggcatcgggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgtggg 120
aaagcgcgag tctgagtgga accctggacg acttgacagag cggctggcgc agtcatggcg 180
gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtg gatagcagac 240
aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagtttg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgaaaaga 420
cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataacac cagtaaccag cactatccca 480
cctacctga catcaaatca acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatttat 600
ctcaggagca tctcagtggt agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggtag aaggtttaag tgaagatggt tttacctatt actataatac 720
agaaacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgtatc 780
gccttctagt aaggtcaatg aaaattcact tggcacccca gatgaatcca aatcatcaga 840
ttcgcatagt gattctgatg gggaaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
agaaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaat agtgatggag gaagtgacct 960
agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
atcgaaaact cttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
tgagtctcat gaggaggtag atttgaact tccaagcact gaaatgagt atgtatcaac1140
ttcagaagct gatgtggcg gagaacccaa agtgggtattt aaagaaaaaa cagtcacttc1200
tcttggagtt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
ggaaaatctt aggaaaattt aagggaacg aggtgatgat ccaatagttt gcaggagag1320
cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380
ttgtcccggtg ttttgt 1396
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```
10 cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
   ttggagtcct tctagtcctt gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca 120
   acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg 180
   ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg 240
   ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aagggaagtca 300
15 tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaagggac 360
   caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcaa cccaaacaaa gtcgatgacc 420
   tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg 480
   aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcagggaac gtgctacacg accagtgtac 540
   tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacgggtga gaactaaaca attttttaaa 600
20 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgggt 660
   tttacatgtt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa 720
   taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc 780
   aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga 808
```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
50 tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat ccctgtttat 60
   gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
   catggaaaag tattttttaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gttaaccccg 180
   gtgtgcttcc tgccagtctg ttctctccca tgggagtcac acaaaatgaa aatctcctag 240
   aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc ttcccatgtt 300
   gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggaggtg gtctataaat ggaattggct 360
```

```

taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgtag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagg cggtcttctt 600
5 tgggtgataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
aagaggggca tttggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagttca tggagagga ggaagggt gtatctctgc tgctctggtt 840
taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
10 tcttctcctt gcgcttgttg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
ggtcctcgcg ggcctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaa1020
ggcctcggcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcggag tcattcgcct ctttctgaga1080
caatgcattg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgtctt ctgatgacg 1139

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt ccggtcgccg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaaacag 120
cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcac tgcttttaca 240
ctctgatcga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaatgtgcc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attatttaa 360
45 ttttatttct gctatttcaa gaagtaaaact ggaagatatt gcaaatgcag cgttagcagc 420
tagtgacgta acacaagtag ccaagggttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagctt gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50 agcagaaatg gtagcagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
aaacagtcct tttacagggt atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggccctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840
tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccatttaaac aggggttaatt tggagaagac 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctgggtg tagaccaaa agaaaaaaca agaagtctta 960
55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080

```

```

acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctga1140
caataaccgct aagctaaccat cagctgttag ttctttgcca gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
5 tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgagggtgtt1380
tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca cttaaaccaat1560
gggtctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaa1620
10 cctggttttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaa1740
tgacagctca gtccccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtggtggg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaa1860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15 acaacttga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaattgtaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtggtc2040
taacagtga aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaaa aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcggctacc2160
tacacggata atatcgc 2177

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

45

```

ggcgcaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tgggtaatcg ccttgccctt ggctgccctc cttgttgtgg acagggaagt gccagtggca120
gcaggaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tgttcccaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50 cagctctgct tggcccgat aaaaaccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tggagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttcttttgc catccattt ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggctttct gggttttaca atggttgcga ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
25 taaaaaaaaa ggtaatggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttcctgaa ggggtgtaaag ctggtttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gcccaattaga aactgacaga cactagatgt gcttgggaaga ttaaacacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
30 gaatcgacag ttgcaacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagtggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
ttagagtcag aaacactctc taaagtgcag aactgatggt ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgtga 660
gttaatttag gaaaaggga aaataaacca aactcaagtc ggtaaagttt atcaaaatat 720
35 tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatat ttagtactga aaggcagaca ataaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttgttgg cttcctcttc1020
40 atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca tttgaaaaa1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgctgatgt tgtggtccta tccgttccag1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc accttgaga ttttctctgt catttatgat1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg1320
45 cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc
1349

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3552 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

```
atttaatctt cattcttcta ctatcccca tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctccctcatt attagcctct 120
tacccttatt aatatttttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaataa gcttcaaaac tgactttttc tctatcctgt 240
20 ttacatctgt agcccttttt gtcacatgat caattataca attctcttca tgatatatac 300
actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac ctcagccaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
ttatatcttt cctactaatt ggatgatggg acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcacggag acatcggatt cattttagct atagttagat 540
25 tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggg ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
tccacccatg actaccatca gcaatagaag gccctacacc agtttcagca ctactacact 720
caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactggtccg attccacccc ctcacgacta 780
ataataactt tattttaaca actatacttt gcctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
30 ctatttggcg tctcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgccttctct acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttctacaca 960
tctgtaccca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcata1020
gcctggcgaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat cacaaaaatc ataccattcal080
catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
35 tctactcaaa agacctaat attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcattttact1260
tcgtaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaattctc cattaacgaa aatgaccag1320
acctcataaa cccaatcaaa cgcctagcat tcggaagcat ctttgcagga tttgtcatct1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tccctacaaat accatgattt ttaaaaacca1440
40 cagccctaata ttttccagta ttaggattcc taatcgcaat agaactaaac aacctaaacca1500
taaaactatc aataaataaa gcaaattccat attcatcctt ctcaacttta ctgggggttt1560
tcccatctat tattcaccgc attacacca taaaatctct caacctaaagc ctaaaaacat1620
ccctaactct cctagacttg atctgggttag aaaaaaccat cccaaaatcc acctcaactc1680
ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg cttaattaaa ttgtacttta1740
45 tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
ctcgataata ataaaaatac ccgcaaaca agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
agcacaaacta tatattgccc ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcatc1920
aacctcatal acacaacca ctcccaaac atcaagatta attactcaa cttcatcata1980
ataattaagc acacaaatta aaaaaacctc tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa2040
50 aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
tccaaacaca accaacatcc ccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
tccaccaaac ctaaaaacca ttaaaacacc aacaaacca ctaacaatta aacctaaacc2220
tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa cccaagacaa ccaacaaaaa ataatgaact2280
taaaaacaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat2340
55 gaaaaatcat cgttgaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
cattatttaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaata agtccaaatc attacaggtc2520
ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
tttgtcgaga cgtaaattac ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
```

```

tatttttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggtacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
5 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt cacctcctct tcctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcctagggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
10 aacccgaatg atatttccta ttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gaggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaatacct ttcttcata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaaac agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat ctttaattctt ataccaatct3480
15 cagggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaac acgatcgggt3540
gacatatagg gc 3552

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 601 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgccctggcac agcatttctc atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
45 gaatggcagt cgcaggttta ttccaaagtt ggagtcttct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgcggctgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatccag ttggtcaaag actgagttta gtaggtcaat480
50 gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtaggggta600
a 601

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

25  agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaa ccacaaagct acaacactga 60
    ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
    tgatctttggc tcaactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
    cccaagtagc tgggtttata ggtgcccgcc accagaccgc gctaattttt tagttttagt 240
    agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tggctttaa tgacctctt atttttaact 300
    tggatacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg gtttgatttc 360
30  cccactccc acaaactctg aagccagtgt ctactgtact aaaaaagag ttgtatataa 420
    tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
    tctttttttt ttttaatccc ctctaatga atgaaactag gggaaattca ggggacagag 540
    atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
    tgggtggggc atttttaaga tggctggcta ctcttgttt ccctcatgat aataaatttg 660
35  tcataactca gtaacatgaa ctgtccccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
    aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
    tgagctttct gttgcaaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
    acttgactat atatgttgca tcctgtgcct ccctcatat taatatttga taaagatttt 900
    aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
40  aggataggca agacctgta tgaatagatc caaagcatta ccgcattgta gagaacacac1020
    tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcacaal080
    aacaaagggt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat1140
    aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca1200
    gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaagg ttttatctgt gtagaatggg1260
45  tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa1320
    acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta1380
    gtcaggcttt ctgaacattg agatatctct aacttagagc tcttcaatcc taagattttc1440
    atgaaaagcc tctcacttga acccaaacca gactactctt actgcctctt ttctaaatgt1500
    tcaggaaaaa cattgccagt tcagtctttt caaaatgagg gagaaacatt tgcctgcctt1560
50  gtaataacaa gactcagtcg ttatttttta aactgcattt taaaaattgg atagtataat1620
    aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa1680
    acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag1740
    actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtcag1800
    ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat1860
55  tggtagtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtatttatt tatttattac1920
    tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgccctg aggatgtact1980
    gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt2040

```

ttatactggtt ggatacttat aatcaaaact tttactaggg tattgaataa atctagtctt2100
actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 623 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaaacg gcggcggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120
gctccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tggtcgggcg ccggaagacg180
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
cgcgagcgac agaaactaga gacccaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
gccaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt gcgcacccgg360
35 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
cagacactca agtccaacaa ctcgatggca caagccatga aggggtgtcac caaggccatg480
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattggttga tttgatgatc600
ccgtggggtt tggggaagtt tta 623

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtcga tggggatgaa gaaccagctc180
15 gcggctcttg gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgatgaa ggccatgcaa240
agtcttctga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg420
gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc540
cggctggcca cactccgag ctaggggctg cctacccgcg tgggtgtgca cacactcctc600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tgttgtgagg actaccattt660
tggaagaagg tctgtttgtc tcttttcatt ctctgcccag gttttgggat cgcaaaggga720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa780
a 781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

50

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctctttga ggccgacgct agggggcccg 60
aagggaact gcgagggcga ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctccgtagac 120
ctggtgcacc accaccatgt tggctgcaag gctgggtgtg ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

```

tcaatggctg ttaacaccta gcaggaata tgccacaaa acaagaattg ggatccggcg 300
tggaagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgctggaggg gctgctgttg gtcttgagc 420
attgtgctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggtctgta 480
5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag cagggagtat 540
tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
gatgagaggc tcttggttga caattggtgt gacctttgca gccatggttg gagctggaat 660
gctggtacga tcaataccat atgaccagag cccaggccca aagcatcttg cttgggttgc 720
acattctggt gtgatgggtg cagtgggtgc tctctgaca atattagggg gtcctcttct 780
10 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tgtgggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
tgcgcccagt gaaaagtttc tgaacatggg tgcacccctg ggagtgggac tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
ttactcagt gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttctctc tgtatgatac1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc1080
15 cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtgc tcagcttctg gcttctctgc1200
tacatcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt1260
tcgttgaagt ttagaagata agaaacatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtgat1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
20 acacattttc aattctcatg tttgagtgt tttaaaatgt tttggtgaat gtgaaaacta1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta ggttcactga1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtaat1560
taatgtcata agtgatttgg agctttgtta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
tcttttgttt ttttaaatac ttaggaactt agcacctggg gttatttgga ttaggtgagg1680
25 gagcccggtg ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

50 caccgccagc cctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccgtagcg agtctccacg 60
tggtaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccgc cggaagccga catctcgagt120
tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180
gcctcggagc tgaagcccg actcaagatg gcggctccgg gcgggcgtgg ccagtgacta240
55 gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcggc ggccggcgag gagcggagtc cagaggacgg300
agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360

```

```

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caagggtttg ggcattgaca ctgagaggcc420
cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
tggtatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgtc540
5   aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
gaaggaagga gaagaaaaca taggtggggt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660
ctcctatcga cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720
agcttcagcc ccagataaat ctttggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
gttcaaaccg ggggtttgtg aaccggggga acccattgag ccttggaat t      831

```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```

tgaagttcta agagctttcc aagtttgga aggtgtccgg gttttctgag attacttctc 60
35 tgagcatgaa cggaagtac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240
atcttcccat agtaaagatg acggcgctt gaggtaaagt acaggcaaca ccacttccgc300
gtttctcttg cgccctggtc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
40 atcccgggtg tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
aaggaggaat atcagtcctt tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
tggttccgac tggagtccaa caaggaagga actcgggtgt ttggaaaatg ctggtatatc540
catgacctcc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcctatcac atatcctact600
actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
gggagagcat caggaagagt agct      744

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```
tgcgacccga ggcgcgcgagc aagatggcgg cgcgagtgtc gcgcgcccgc ggagggcgtg 60
ggccggcggc ctccctgcagc gggcgcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
20 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtaactt tgggtggggac 360
ttggaacacg tgggtatggc agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
25 ctatccagcc ctacacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggagaagt cagctcctgt tggagtccag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaataa tatgaactca ggtcttacc 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aatttgtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgtaaa taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc 1020
35 tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080
ccttgctcgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac 1140
ttctccccac cctccagaag ggggccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacccaaaaa caaatctgtt 1260
40 ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat 1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacc 1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaactcagt ttcacatcat gtattgtgat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
45 atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtgtgatt tttctataac aaaacaagta 1620
gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtctctgtg aaatgaacaa 1860
50 ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt 1980
aatttcaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2017
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20 cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcgccggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctccctcaaa aatgagaaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
25 agtaccacgc tggctctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttggtcc cgtataaaagg360
atatatctgg aactatgggtg ccattccctca gacttgggaa gaccagggc acaatgataa420
acatactggc tgttggtggg acaatgacct aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480
atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540
30 aggggaaacc gactggaaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
taatgatatac aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
gtttagaagg tataaggttc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgctg ttaatgcaga720
atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaaaagc actcatgacc attggaaagc780
attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
35 gccctcaaa gtgtgc 856

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
40 (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgag ggcgaattgt gccctgggtc gccaaagtgt 60
 cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gaccagccg120
 10 aatacaacat atctccggaa acccggcggg cgcaagcgag cggttggcca taagagccca180
 gctgaaacga gactacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240
 tcctgccttg cttcgttggg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300
 cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctca tcttcattta360
 ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420
 15 tcgaacattt cacctctcat attaatgtctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480
 ataatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaagtgc540

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
 ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
 45 tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
 accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
 atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300
 tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
 gtaagaggct gcaagggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420
 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag cccatttca gcattagccc 480
 50 caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggcctcttggc tctggtggtt ttgttcttta 540
 tcggttggtgt aattattggg aagattgcct ttagagagga gcatgcacag gatggtaaat 600
 tggattggtg gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660
 aattaatgta tgatgacatc tcacaggctc tgcctttaaa ttaccctccc ctgcacacac 720
 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaagtgtat 780

```

agtaactgat tgagggggaa aagaatgac tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
tggattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
tggagccag catgctgggg agtgcggtca gtcacacaca gtagtcccca cgtggcccac1020
5 tcccggccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc1140
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc1200
ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattgggtc atgtagttaa gtcaaaactgt1260
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaattg atttcacatc atgttttctt1320
10 attgtcacia gagtacagtt aatgctgctg gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380
tgctgctgga gggctgtggg ctctctgtgc tctggagagt ctggatcatg ggaggtgggg1440
tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaaataaca1500
actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac cttttttaat1560
gaagagtagt cagctcttca gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc1620
15 cagcgcccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcagga1680
caaatggatc gggctgcaga gggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
aagggaagag agaaaactct cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800
attaatttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaaaaaaaaa aaaaaatact gc 1912
20

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```

45 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tatttttttt tatgttaaat 60
accatgggac aggatgttaa ggatgaaaaa ctcatgcaac aactgcctca caagggataa 120
gaaaaattct gccatgatat tagcaaaggt aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
accatttccc caaggaatac ctcttgcat ttctgaatg agtgggatta gcaatctaaa 240
50 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaattt aaagggatta ttaaaataac 300
atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaaact cttattaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
tttattttatg aatttcataa aggactcaat gtgcaactga catctgctag tgatgatctg 420
gtaatatata acctgtccag tagccgaaca gtttgttttt attgtgtttt ctaaccgtaa 480
gagatcatta aaggcaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaatgg tcaccgtggg 540
55 ccatactacc aatgaaatgg taggtaaaca aatctttttc tgggtcaagag aaaaaaaaaa 600
aaaagaaaca gcactctgca tgcttcactc tacaagatga atttccttag aaagaatcca 660

```

```

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
aaggatgcag ttgaggttga tccaggttta tccgaatgtg ctacctttct gaggccttaa 780
ccttcattctc tcaggtgccg attttcttct gatagcttca tcatttctcc ctgaagtctt 840
ttacactctt ccattagttt ccttgtttcg gtatcattaa gtgaaacact gtgtggtttt 900
5 ggcataagtc catcttgctt agatgcattc agtggaaacag ctttgctagg ttccatatca 960
ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcac tcaatttgga atccattaat1020
tcacaggtt ttgcctcttt ccacacagct tccatatctg aagtgtttgg tggagcaaaa1080
attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggctgt1140
agcattactg aaacagtcac agttgacctt gggtaataaa ttccactgtt gggcctcaca1200
10 cagtaccggc gaggtgctgt agtcttctc ttgaaacaca cttttctatc cgatggattt1260
cgcaatttaa gattttagt gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gaggctctgt1320
ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcgccatggc ccctgaggcg gacgccatcg1380
gagagacagc gcagagcagg gggcggcctt ctcgctgggg gcgggggacg atggcgagag1440
gggagggggg gcgaggttcgc atctctcctt ttcttggtta gactctgttc aaccacattc1500
15 ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg1560
attctgattt tgttttgtt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat1620
actatatttt tgagtttgtg ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaat1680
acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgcaa ttttttctaa1740
atatggggat atttaccttt attaagaaat tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt1800
20 tatgttctca tattactttt gattctacta tgattgtgtg gtggtgaaca aagatcatta1860
caaacaaaaa ctgtaatttt gttatatttg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga1920
ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1962

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1458 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggctcgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
50 tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaactggag gtacgggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaatata ttcagaaaaa 240
aatatcttat aattacagtg acttgatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
55 agaggagggt ccaaaaagaga tgactttgga tgagtggaa gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggaaaga 480

```

```

5  gggatttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
   ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
   ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
   cccaaaccgt ggacgcagga ccgacaagtc aagtgtctct gctcctgatg tggatgacct 720
10 agaggcattc ccagctctgg ctttaactgga tgccataaga caaccctggg tcctttgtga 780
   acccttctgt tcaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
   aaaaagactg tcattcatat cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
   gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
   attggttagc gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
15 gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
   cagtttaaac ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaa gatttagaag ttccccaat 1140
   tacaactggg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
   atggtcaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggataacta 1260
   actatatgta ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac 1320
15 ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt 1380
   gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat 1440
   ttgggtcca aattataa
                                     1458

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2188 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

45  gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 300
   ccaaccctcc ccaaccctcc cccctacaag tcacctgggt aagccaacct gaattctact 360
   cacctgggag tggaagtatg tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatggtg 420
50  gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
   ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggg ggagctggtg 540
   atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ccttttctgt 600
   caactgaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
   atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtgtgtg acacatgaag 720
55  atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
   tcttgaattc tactcctgga ggcggtctct gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840

```

```

gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggaagaatg ggaatgggga 900
acaattacag tggaggatat ggtactcctg atgggttggg tggttatggc cgtggtggtg 960
gaggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgg aggtggatgg cgtgggatgt1020
actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagacttt1080
5 cttacagatt taatttcttt tgtattttaa gaactttata atgactgaag gaatgtgttt1140
tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt1320
tactattagt tctacaagaa gtagtggtgt gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg1380
10 cgtaaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac1440
ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaatataa agcctaaaga tgaagtggct1500
tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaatg tcatttatca1560
ggcatagctc tgaaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctgatttttg gagtaaaacc1680
15 ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcaggttat1740
cgcaagatgt cttagagtag ggtaagggt ctcagtgaac caagaattca gtattaaagt1800
cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgcccata1860
gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagttttag1980
20 tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa2040
tatggctttt ttccaaattg gctaattgat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
tattgaactt gttacttggt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa
2188

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

50 ctcgctagtt cgatcggtag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
caccgccgcc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
ggccccagtc accatcaccg caaccatgag cagcggaggcc gagaccagc agccgcccgc 180
ggcccccccc gcggcccccg ccctcagcgc cgcgcacacc aagcccgga ctacgggagc 240
cggcgcaggg agcgggtggc cgggcggcct cacatcggcg gcgcctgccg gcggggacaa 300
55 gaaggtcatc gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

```

```

gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
tgttggtgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggctctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
5 gggatcggag agtgcctccc aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
gttccacact tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
tgtgcaggga gaagtgatgg aggggtgctga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctctcgcca 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagacca 960
10 aggtcagcag ccacctcaac gtcggtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
ttcgtccgct cccgaggctg agcaggggcg ggctgagtaa atgccggctt accatctctal1140
ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatgal1200
acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgtctttt gcccgttgac cagataaatal1260
15 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctc1320
tttttggtaa taacaaacgt gttttttaaa aaagcctggt ttttctcaat acgcctttaal1380
aggtttttaa attgtttcat atctggtcaa gttgagattt ttaagaactt catttttaat1440
ttgtaataaa agtttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
taataaagggt cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

45 ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
tgccggggct ggtgattgga ggaaaccccg tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
gcgagatcca gggacagagt ctacgcctcg ccgctgctgc cgcccgccgc gccagagac 180
tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcattga 240
taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300
50 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggagcccggt aggtcatctt ggagggtcgt 420
ctcaagtatt gaacaaaaga cggaaggtgc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttgga 540
aaagtctctg atccccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
55 aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggtattg 660
tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720

```


caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
 tgaactcccg cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
 gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
 agagacaact tgacattgtg gacatcgat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
 5 ggaggggaaa attaaccggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt 1020
 agaccatttg tcatccatgc tgtccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt 1080
 ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatggt tagttttggg 1140
 ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt tttcgtcttt gaggggtggg 1200
 ccagtatggg ggggtgttg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254
 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

35 cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttcttttttt ttttttgtga gagcagggtc 60
 acttttattgg tatagagact gcagaggagc caggggcttt agctgttgcc agctatgggt 120
 tccttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttctgg 180
 gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacagggcc 240
 40 ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agccacaca gaacatgttg 300
 ttggtaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc 360
 aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag 420
 atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg 480
 gaattgatga cggcagggtg ggagagcttg atcagcagga tgctattgtc cagagtccgg 540
 45 ctgttgattt tggggtggcg gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attcccccc 600
 aggacttcga tgttggtctc tccagttctc acctggatgc gggacttgta gcagtgcct 660
 gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc 720
 aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agcccccaac gatcttgta 780
 tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc 840
 50 atggtggtag agtgtgcctg attgctgggt gagaaccgt ctttatacct cccgaggatg 900
 gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgctctc ccagcacaaa caca 954

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2213 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

```

ggcgggacccg ccggggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
cccgggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cggctcctg ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gcggtccgt cccggataag 180
25 acccgctgtc tggccctgag taggggtgtga cctccgcagc cgcagaggag gagcgagcc 240
ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgatc ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgccc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtctg gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420
tggcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcaggggactt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtgg caacttcgag caggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgccaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgcctaattg agatcctggc ctcccgacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcggttcatt ttccagcgag tgcgtgtgtc tctgtcagct ggtgggaggg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaaattct aactgttctc tgttcccggg 900
accgaaatca cctgttgcat gtgtttgatg aatacaaaag gatattcacag aaggatattg 960
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
agtgcattgag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggt1080
40 tgggacccga tgataacacc ctcatcagag tgatggtttc tcgagcagaa attgacatgt1140
tgatatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcatacaag1200
gtgacacatc tggagactac aggaaagtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaa1260
ataaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcat1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg1380
45 cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcatt tatgatgctt1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaaat1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560
tatattaaat tattccatat tttcttttca gtgaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620
taaaatcact tttttcccta atccaaatct tagagtggct agtagtttct tcatttgaaal680
50 ttgtaaagcat ccggtcagta agaagccca tccagttttc tatatttcatt agtcaaagcc1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800
taagtttttc atgggagact tccttcatca catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtcl860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaacctaa1920
tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaat aagcttcaaa ctagggtattc tgggaatgat2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgcactg tgcccttcaa ctccagaaac2160
attctgaaga tgtacttggg ttttaattaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

cctcgtgcag gtgcaccgct tggctcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
 tccatggtgc aacaaacaga tcacaagggtg cctaattgaa tgctcgagatg aatataaata 120
 taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
 30 tcttcaccta gcgcagtgcaa tggagaatgg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
 gcagttagta aaaatcctgc tgggtggatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
 tctgttccac accattgaaa ccctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
 agaaggattg cccagctga tggaaagtgt gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
 tgctcatgga ggcccaaact ttatgatgca ttctgggac tctcaagcct cagagtatga 480
 35 tgaccctcca ggctgaggg agaaggcaga gtatcttctg agggaaatggg tgaatctcta 540
 ccattcagca gcagctggcc gcgacagtac caaagcttct tctgcatttg ttggacagat 600
 gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttcttct gtctgtgtac 660
 tgaaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgctgc 720
 caatcccacc atgatccgag ccaagtgtca tcacaacctg gatgcctttg ttcgactcat 780
 40 tgactgctc gtgaaacact caggggaggg caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840
 gaacaaggtc cttggtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgtcagag 900
 tgaatttcag caacttccct accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
 acctgagcat gtgttgaaa ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt1020
 ccacatcttg aggcctacca aagctcctgg ctttgtatat gcctggcttg aactgatttc1080
 45 ccacgagata tttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140
 gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtgga1200
 actacacaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtgctc tgggtctttt1260
 gcatgatttc ccagagtcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccacc1320
 taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgaggctccc1380
 50 cgaccattc actcctaact taaaggtgga catgttgagt gaaattaaca ttgctccccg1440
 gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccta1500
 tcttaaaact cgatcaccag tcactttcct gtctgatctg cgcagaacct acaggtatcc1560
 aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactgggtgct ctatgtcggg1620
 actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680
 55 cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttgacac tgagggtcgc1740
 tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac1800

```

5   ttcagttgca ccatgctgta cctttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacag1860
    atcacaaagag ttctcttgga acggttgatt gtaaataggc cacatccttg gggctctctt1920
    attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttgta1980
    cactgtgccc cagaaatcga aaagtatttc cagtcggtcg cacagtgtg catgggacag2040
10  aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
    tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
    tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttggtggg atctgcccc actactgttg2220
    ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagtgt aaatgcattt ttttgactct2280
    tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
15  ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt tgtgcaagct gtgtccaagg caagtacata2400
    aactgggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagtctc2460
    catgtcttct gacatttctg gtgtcccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaattattatg2520
    taacttattt ttttaattgt gacaggggac cttgaaaatc actaagtatt taaaaatgtg2580
    gatgtgctag aattggatat gtccaggaac atgggaaggg ctactattg gaatcccatg2640
20  agtttccatt ttgtctctac ccaaacgtat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
    tttcttttgg ggattataca cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
    ggaaaccaga ccaggcctaa agcccacccc ctaccctcac cccccccaca atcctctcct2820
    gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttagg gaaagggaac ccaaaccgcg attaatg 2878

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

45  atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaattctta aaaagtaatg ggatcttttg 60
    aactggggt atgttttatt tttatgtgtg caaattttaa ccatattctt ttctagttaa120
    agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
    cgagagccct gtcattctct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
    ttgggaaaaat gaggtacgtt agtgttcgag attttaaagg caaagtgtcta attgatatta300
50  gagaatattg gatggatcct gaagtgtaa tgaaaccagg aagaaaaggt atttctttta360
    atccagaaca atggagccag ctgaaggaa agatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
    aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaatctgtc480
    tttttacatt ggcttttgtt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
    aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600
55  taattgtcaa ctttattaag gattactttg tctgcccacc acctagtgtg aaataaaatc660
    aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25

gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
 atcaggaaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgac agggaggga cagcaggcgg120
 gaaccgtca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttggt tggttcaggal80
 gaggttttg ctgggctgtg tgtgtgatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240
 30 tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaa300
 atggaaatca aattaggttc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag360
 ggacaaggga gcaactgggt ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420
 gttaaacatt ggcaggggct ttcctcagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
 gcttgtaaag cttttgttat ctttgttatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540
 35 tggagtacga gccgtagag gaatcctggt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
 aaggtcggag aaccaagttc ccaagatcct ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
 tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720
 ttgatgaagg ttcccgcctg ctgtccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
 gcatttctg atttcctctg tggttaataa agctttc 817

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```
gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccattgc 180
15 agacttccaa ctttgcccat gtcattcttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaagt 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattggg 300
ttggtatatt caaggttgga tggagtactg ctctgtatta ttacacgttt ttatggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
attaccttcc aaatgatgat ggagaathtt atcagttctg ttacgttacc cataagggtg 480
20 aaattcgtgg agcaagtaca ctttccagtt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgtagtggtg gaccacaaaa gcaggccttc 600
ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggctct actgaagtaa 780
25 cacaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840
aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagtttaaag gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtagat ttgaagaata1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttagatggga1080
30 acaaaagaaag cgtgattact catttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg1140
ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt1200
gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag1260
ttgtctttct ggctaaagaa ctgagtgatg ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag1320
acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtgg1380
35 cagaacttaa actaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg1440
aactaagaag agaagtgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata1500
aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat1560
cagctaataa taataatgtc ttcacaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgat1620
cttcagtaaa cacagacca gccactctg cctctactgt agatgtaaag ccatcacctt1680
40 ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaa1740
aaattgctga caaaacagaa aggtataata aatgtaaaac actcttgca gatgagaa1800
caaaatgcaa taaatatgct gatgaacttg caaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac1920
ttaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaatgga agatggagca gatgggtgct1980
45 tttaccaga tgaaatataa aggccacctg tcagagtcct ctcttgggga ctggaagaca2040
atgttgtctg cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tctccaagt caacatttac2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc2220
tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa2280
50 gtcactggaa ggtgtgcccc atgtgcagcg agcagttccc tcttgactat gaccagcagg2340
tggttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaathtt gactagttac2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa2460
tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga2520
ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata2580
55 aattttaatc tctgttaatc ttacaaaat ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 922 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```
ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcacccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgccgcg cgcctcctcc gccgccgagg actccggcag ctttatcgcc agagtccttg120
aactctcgct ttcttttttaa tcccctgcat cggatcaccg gcgtgcccc aatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaa240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tgaggagcag gaggctgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcaccctcc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggcccc cccgcccacc600
gtgggcagtg ccaccgcag atgacacgag ctctccacca cccaacccaa accatgagaa660
tttgcaacag gggaggga aaaggacaaa acttccaagg ccctgctttt tttcttaaaa720
gtacttttaa aaggaaattt gttgtatgt tctatttaca tttgatagt ttgtacatat780
tgtaggggt caaccattt taatgatctc gtaggacaa accagccttc ggaagcgttc840
tctggcctac ttctggactt ttacgttggt gggtgttgga ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggga aaaaaaacct tt                                     922
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

10

```

ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
gtgccccgag ctctccgcct cccccgccc gccagccgag gcagctcgag ccagtcgcgc120
ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180
tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
15 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cagccagct300
gaggtgggtg tcctgggtgg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360
gggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcaactgctgc aggatgggga atttagcatg420
gatcttcgta ccaagagcac cgggtggggc ccacacctca atgtcactgt caccaagact480
gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtgggtt gatcaacaag540
20 aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600
ccccctcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaacatt660
ttattttttg ggccattacc ccataccctt tattgctgcc aaaaccacat gggctggggg720
ccagggtctg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccggtg tggttggaag780
acttttggtt ttggtgggtt ttttttctg aataaaaaag attctactta acaaaaaaaaa840
25 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg                                     870

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```

ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatgggtggtg gtcttggtct 120
gcctccagct cttggaggca gcagtgggtc aagtgccctt gaagaaattt aagtctatcc 180

```



```

gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
ctgcttgga gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgaccta cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
ttgacaccgg ctccctcaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
5 ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccaccta ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
tcagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctggtagca 600
acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
atgaggccac cacagctatg cagggcatgg tgcaggaggg cggcctcacc agccccgtct 720
10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggct ccagcggggg agcggttgtc tttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg gggcagatct actgggcgcc tgtcaccacg gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttctctatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtcac tgtgccccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggcccagg aggatgagta tggacagttt ctcgtgaact1020
15 gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga ccttcatcat caatggtgtg gagtccctc1080
tgccaccttc ctctatatc ctacagtaaca acggctactg caccgtggga gtcgagccca1140
cctacctgtc ctcccagaac ggccagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttctcaggt1200
cctactattc cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga1260
cttgctgcct cgacacgtgg gctcccctct tctcttgac cctgcaccct cctagggcat1320
20 tgtatctgtc ttccactct ggattcagcc ttcttttct ggactctgga ctttctcta1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgccctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcacgcgtcg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
50 aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcacacact 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
aatacccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgaccc atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgtgtg tcctctgaag aaaccaatga ctttaacaa gagacccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgacg 480
55 accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
atgattctca ccagctctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggctcactg 600

```

```

5  attttccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttactcc agttgtcccc acagtagaca 660
   catatgatgg ccgaggatgat agtgtggttt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720
   gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
   gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
   ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
   ctgaaaccca cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
   atgagcattc cgatgtgatt gatagttagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca1020
   gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tgggtgtaga ccccaaaagt aaggaagaag1080
   ataaacacct gaaatttcgt atttctcatg aattagatag tgcatcttct gaggtcaatt1140
10  aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaa atgctttata1200
   gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta1260
   tttgagtctg gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtggc ttcatggaaa1320
   ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaal380
   actatcactg tattttaata tttgttattc tctcatgaat agaaatttat gtagaagcaal440
15  acaaaataact ttaccact taaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataactcttt1500
   gttttttaag ttagtgata tttgtgtg attatctttt tgtggtgtga ataatcttt1560
   tatcttgaat gtaataagaa tttggtgtg tcaattgctt atttgttttc ccacggttgt1620
   ccagcaatta ataaaacata accttttta ctgcctaaaa aaaaaaaga gaaagaaaa1680
   aaaagaaaag aaaaaaggg gagggagggg ag
                                     1712

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1273Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

45  accgcccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcggga ggggtggcag cggcaaggca 60
   gccagtttc gcgaaggctg tcggcgcgcc ggcggccgca ggcacccggc acgcgccttc 120
   cccgcaggca cccggcacgc gccttccccg ccgccacgat gcccaagagg aaggtcagct 180
   ccgccaagg gccgccaagg aagagcccaa gaggagatcg gcgcggttgt cagctaaacc 240
   tcctgcaaaa gtggaagcga accgaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcagacaaa 300
50  aaagtgcaaa caaaaggga aaggggagca aagggaaaac aggccgaagt ggctaacca 360
   gaaactaaag aagacttacc tgcggaaaac ggggaaacga agactgagga gagtccagcc 420
   tctgatgaag caggagagaa agaagccaag tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480
   cagtgtccc tgtctccctt ctgtacaat ccagagggaat atttttatca actattttgt 540
   aaatgcaagt ttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaat cccacctcat 600
55  cccatttttt aagtgtaaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct ggttgtttat 660
   tttttggtac aaccagaaaa tagtgtggga tattgaatta tgggaggctc tgactgtctc 720

```

```

gggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagtttt tatatcctat aatacaaacg 780
atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaaatgt cttgaacatt ttaaattact 840
tctattacca tgttgttttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
ggctctctct gccagaattg tgtgcactct gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttctt 960
5 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt1020
tgagtgtga actgggtgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctggtacttg1080
atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt1140
taaaaaagaa ttacaatata tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttgtgt1200
acaaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa1260
10 aaaaaaaaaa aaa 1273

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

cctcggacca cgggactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcg cgtgcggcac 60
gctgcagggc tgaagcggcg gcggcgggtg ggactgcacg tagcccgcg ctcggcatgg 120
ctctcctggg gctcgggtct gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
40 cctctagtga tgatgtgatc gaattaactc catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggt tggctactgt caaagattaa 300
caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagtgt 360
atgcagataa gcatcattcc ctaggagggtc agtatgggtg tcagggattt cctaccatta 420
agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
45 ccattgtaga tgetgcgtg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcgggggac 540
gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgtct ggacagtga gatgtttgga 660
tggttgagtt ctatgtctct tgggtgggac actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
50 ctacagtcaa tcaggttctg gcctccgat acgggattag aggatttctt acaatcaaga 840
tatttcagaa aggcaggtct cctgtggatt atgacgggtg gcggacaaga tccgacatcg 900
tgtcccgggc ccttgatttg ttttctgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
tcaacgagga cattgccaag aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc1020
tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctga1080
55 agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc1140
agtctgaact tgagaccgcy ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgccal200

```

```

tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagttag caaggcatca1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcggg1320
ctttccctac catcggttag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccggtg1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gagttgtgag1440
5 agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggat tttccagca1500
gtgaagggac attctctaca ctcatgatgac tctaccagtgc gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattggt gtagccggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgg1740
10 ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaattggct1800
ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatcataaa ttcagagtga tgttttagcag taaatcaata ttttgaagtgc atacacagat1920
gtcttttctc ccacaaaact tttttaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatgggt1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtgc agaactgatt2040
15 tcctgcccaa tatttgtctt tgggctgtct ctagtgacta attattaagg aatctagctg2100
gttatacagt tcaaggcttt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagtctgc atttatgtaa aacattcaga2220
aaatgaagtt ttgaatttgt tggaaacattc aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
aaaaaaaata atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
20 aa                                     2342

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

```

45 gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagtct aagttctcta agtactctga aatgagttag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaaattgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
50 aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaaagag aaagagtttag aaagagaacg agaaaagagac aagaaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagtga 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
55 acggtccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatggt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggt tcaaggacac ctaaaaggtc taggcgatca cggcttagat ctctaaaaa 660

```

```

atcaggaaag aagtcagat cccagtcag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcctg aacggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
5 tgtcatttgt ttataattgtg taaattactt tcattgtggc ttttctcaa gatgaaattt 960
ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta 1020
ttttgtttta ggatgttgtg acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cccttttgta 1080
gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttgttt 1140
ttttgcccc aagggtgatat taagtccctt aaagtcctac tgagtttcac actactgttg 1200
10 tgcctcttat acctgatgca cttataaagc cccagtgttc aagtagctta agttttatat 1260
ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc ttttggtggg ttgctaacc 1320
atttgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggt 1380
gatatggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca 1440
atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaatt 1500
15 aaatatcttt tcatttcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct 1560
aacaaggttt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ccttttataa tcttctgtag 1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag ttgtgttta aacagcttag 1680
ttggtcccc cccctactcc caagagactt gggtttagtt atagctttaa gtaaaatt 1740
aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaattca aggtgcaaaa 1800
20 agttgattta aaccatttgc agagtgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat 1860
gaggaagaaa taaaacttgt gtaattgttg tcataatact gctataaata taataaagg 1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gccctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaaa ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
50 taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aatttttatac aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaattttaa acatttcaca 360
taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
55 acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaag 480
acatattctg ataatacataa cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tgttaataat 540

```

```

aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataggatt 600
tcgttgcaac gctatttaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccaggtgc ataatttccc atcagctctgt ccttgtagta ggcagggcaa 780
5 tttctgtttt catgatcgga atactcaa atataccaaac atctttttta aactttgatt 840
tatagctcct agaaagttat gttttttaat agtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagtgc atcagaaaga 960
ctcaaattga atgattttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt 1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac 1080
10 acttaaaacg aatctcaaga gggtagcat tgtgttttca gataccatcc ctaaggagag 1140
tggttaacag gaagattgcc agtggtactg atggaaagaa gtgtttgttt gttttttttt 1200
cttgtaaaag acttacacca tagtttttaa ttaaaactgtc aggcattttc tcagacaggt 1260
tttctttttc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaat catgactttt gactgccact 1320
caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc 1380
15 tgagtccttg ggggtgctgtt ttctccatca gaacacaaac acaacccatc taatcagttt 1440
ccctcaaaga tgaatttgac aaatttaatt tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc 1500
aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat 1560
gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agctccttat 1620
20 ataataatga accttgggtc agtggttgcg atgatgtcac tgtacggttc ttctgtgtc 1680
agctcaatag cttgtgctt ttaagaacc agaactttgc ggcagcttgt 1740
tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agtttttagc 1800
agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatct tctttcttcc 1860
tgatcttgat cgccccctga tgcattctca tctcttctc cttcatcatc ttctttttcc 1920
25 ttctctttct ccttctcttt ttctggcaga agttctaact ctgggtattg ctgacagata 1980
tttgagggtt cttctggggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat 2040
ttgtccagct ttctgcttaa ctccctgagg ttgtggtgga ggcatactg actcatctat 2100
gtttgttctg ctggcctcca tcaactgactc ctggaggcgg cttggtctct caataatggg 2160
ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctgttgctgg tctctcttag gaacctctgg 2220
30 attttcaaat tctttgagga attcatccaa attatctgcc tctctctcct tctctctttt 2280
tctaaggctt tctggtacaa gcggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagtctgtt 2340
attccacaaa ggctgagcag gtaaaagaaa cagtttttct actcctcctg tctctttcca 2400
catcatcaat ttcttgggtg cggtgccaga tccaaagtag taacaatatc tgaataatca 2460
ctaagttggg ctctaattgt cttgctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc 2520
35 ctcttctctt tggtttttgt ttctttaaca gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct 2580
tcttctcat ttggaacaag tgtgttttga tcagtcattg ttggcattgg ttcaacggga 2640
tccactgaat caggactatc aggccacccc attgatacat tatcatcctc atccatctcg 2700
tcattgtcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca 2760
aagataccgc catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttctc 2820
tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat tttctcattc 2880
40 agattgctgg tgctctgttc agactcta ataggagttag aagtagtagt gcttactaac 2940
atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcatattct cacgatcatc cattccaaaa 3000
tcaccaaatt cattttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttatc 3060
tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgcgtggcca catcgatgtc atctaagtca 3120
45 ggcagtggtc gatcaaagtc atgaaattct tcaggtaaag taatggcatt ataagctgtc 3180
tcccgatatt cctcaggcag gtcaaccaca cctgcccgaa aagccatctt tatcttaatt 3240
aatgcttcat tacagtctgc aagaaggtat ttggttttcc tgtgatagat tcgaactact 3300
cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cttttggtga gatgatactc 3360
50 ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca 3420
atgggcccgt agccaaattc ttgccagagg cctcttttta ctgagaacaa aatgtgcgta 3480
gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagttgg 3540
gcgggctggg tggcccgggg aggggaaaag ggtcggggga gggggtgggg aaaggggga 3600
gcccttgcca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgcccc cccagccggc gcctccttcc 3660
cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gttaacccgc ggctcttc 3708

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```
gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
20 gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctgggtg cagatatctc tatgattggc 240
cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtccctcag caggggggac attcacagt 360
25 aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
gaccaaactg agtacttggg ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaaac gtgataaaga agtaagcgat 540
gatgaggctg aagaaaagga agacaaaagaa gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
gaagacaaac ctgaaattga agatggttgg tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggt 660
30 gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa agttacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
acaaagccca tctggaccag aaatcccgac gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
ggacagttgg aattcagagc ccttctattt gtcccacgac gtgctcctt tgcctctgtt 900
gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
35 aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggt agactcggag1020
gatctccctc taacatattc ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagtattc1080
aggaagaatt tggtaaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaat acacgaagac1200
tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtaac acacatctgc ctctggtgat1260
40 gagatgggtt ctctcaagga ctactgcacc agaataagg agaaccagaa acatatctat1320
tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagccattg atgagtactg tgtccaacag1440
ctgaaggaat ttgaggggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
45 aaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg1620
gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga1680
atcatgaaag ctcaagccct aagagacaa tcaacaatgg gttacatggc agcaaagaaa1740
cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggtc1800
gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcactctgc tttatgaaac tgcgctcctg1860
50 tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc1920
aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgtg atgataccag tgctgctgta1980
actgaagaaa tgccaccctt tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
ttttcaagga tgtttttctt tattttgtt actattaata agtctgtatg gcatgacaac2160
55 tcttttaag ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttggtt tattttcaca gattggggta2280
acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtggtctaa agtgtttagc2340
tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct2400
```

```

t gatgttttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
5 agttaaagc ctacctaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtctt2640
gtggatggaa atgtagtgct cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
gttagtgcca aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tggttaaaca ctgctgctc2820
caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctcagcaggt gtgggggtgga gcacatgtag2880
gcacagaaaa caggaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
10 tcttagtgtc caggttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```

cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcgaggaggt ggagtcaaca tatcaatgga 60
gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
aatgatacag gacacacaat ggtgatcca ttcatgttgc agcagtctac aaatccagca 180
40 ccaggaattc tgggacctcc acctccctca ttctatcttg ggggaccagc agttggacca 240
agaggaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctgacacat gcagaaaggc 300
agagtggaaa ctgacagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
taccagctat tacagctggt agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
aaaattaatg aggcatttat tgaaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
45 tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatcccag 540
aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
gagcttggac gtgtgatata tctcagcaat ttgcccatt ctggctattc tgatagtgt 660
gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
50 ttgaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaatat 840
aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctcaa gtgataagaa atccaaaact 960
gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagtaaaga acaagaagag aagtccggtg1020
aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg1080
55 aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggca1140
gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tgtggcttct gatgggaaaa1200

```



```

5  aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
   agcttaaaaa ggtggacaag atcgaggaaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaal1320
   atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac cagggtgctga atcttctgag aacgctgatg1380
   atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
10 actatgtgat acctaaaaca gggttttact gtaagctgtg ttactcttt tatacaaatg1500
   aagaagtgc aaagaatact cattgcagca gccttctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
   ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
   atttaatgat ttcaaagaaa ataatgggtc ttgtttttta atgttaacct tttttaaata1740
15 caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga1800
   tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaataca catatgggta agttaatgaal860
   tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccta1920
   agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaal980
   atttagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
20 aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaac tgagccttgc2100
   agactttcat ttggagtgtg aaccggtttt ggttgcatct catttttgga gaacttaatt2160
   aacgtgagat tggcaattga aatgcagggt cagttttctg ttaatgtcat gctgtgttt2220
   aggtaataag aaatattaag taattggctt tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
   tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagt aaatgcaaaa atattcccat2340
25 tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
   tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
   ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgccat aatcctagat2520
   gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
   aatttgtgtt tacttgtaac tttctgggta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
30 ctgaagtga taccaataaa aagaaaaccc taggccatgt taattgggta tacatgtttg2700
   gaatgttaac caaaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
   ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

55  ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
   agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgcgac acggcagggt 120
   cccgcccgga agaagcgacc aaagcgctg aggaccggca acatggtgcg gtcggggaat 180

```

```

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacagggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtccctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccctttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
5 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggtttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcataattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcc 660
ttctcacttg gcaaggaaga tggaaagtggg gacagaggag atggccccct tcgcttaggt 720
10 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcctgag 780
atagtgaata tggatgat atctttagaa ggtgaagatg ggttggatga aatttattca 840
ttcagtgaga gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tgccctgcc gactgacct tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttg acagtgtgg atgcaaaaac cctaaaaaaa1020
15 gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaattgat atgatgaaac tgaagtttta1080
aaaggagata ttattcaagg gttccgctat ggaagtata tagttccttt ctctaaagt1140
gatgaggaaac aaatgaaata taaatcggag ggaagtgtc tctctgtttt gggattttgt1200
aaatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaaatc aagttctaaa ggtctttgca1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttctccc tgattcatgc tttggatgac1320
20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tatgacaaaa gagctaatac tcaagtgcgg1380
gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagtgtttag tgtatgtgca gctgcctttc1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc1500
accgaggcac agttgaatgc tgttgatgct ttgattgact ccatgagctt ggcaaagaa1560
gatgagaaga cagacacct tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga1620
25 tttcagagat tatttcagtg tctgctgcac agagctttac atccccggga gcctctacc1680
ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctccc ctgaggtgac aacgaaaagt1740
cagattcctc tctctaaaaa aaagacctt tttcctctga ttgaagccaa gaaaaaggat1800
caagtgactg ctacaggaaat tttccaagac aacctgaag atggacctac agctaaaaa1860
ttaaagactg agcaaggggg agccacttc acgctctcca gtctggctga aggcagtgtc1920
30 acctctgttg gaagtgtgaa tctgctgaa aacttcctg ttctagttaa acagaagaag1980
gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcatcc gagccttccg ggaagaagcc2100
attaagtttt cagaagagca gcgcttaac aacttcctga aagcccttca agagaaaagt2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgtgttcc aggatggaat tactctgac2220
35 cccaaagagg aagcctctgg aagttctgc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaaggttg tgatgtggac2340
gatttatttg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaagagag ctgccatcgc2400
tgtgatgctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcatc taattctctg tggaaatgaat2520
40 acacacatat atattacaag ggataattta gacccatac aagtttataa agagtcatg2580
ttattttctg gttggtgtat tatttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata2640
catgctttga agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaacctag gcatggttat tgatgagttt2760
cttaaccctt tccagagtcc tcttttgcc gatcctccaa cagctgtcac aacttgtgtt2820
45 gagcaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggtaggaaa accatgggta2880
aggacggact cacttctctt ttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct2940
gtatataggt ggttttcttt aagtggggtg ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc3000
cttttaagca gtgagttatg gtggtgtct catgaagaaa agaccttttg gcccaatctc3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtatgttagaa3120
50 ttatatcact tcaactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagttt cgttatatta3180
aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt3240
ggatggtgtc tcctttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct tttttctg3300
tcctcattct tgccttgagt tccagttcct ctttgggtga cagacttctt ggtacctagt3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagtcg tcaactaatc acagttttgt acatgtaaca3420
55 ttaaagcat aaatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

20 atagggccgg tgetgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgccca 60
gtacaggagc tegtgccgtg gcccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgtgcagg acagggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
25 gccccggcag cacggctctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480
tcgaggggaa gcccctggag gaccagctcc cgtggggga gtacggcctc aagcccctga540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
30 aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aaggccgga aataaaggct gttgtaaga660
gaaaaaaa 668

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

5  ggaaaccggt ctcattgaac tcgcctgcag ctcttggggt ttttgtggct tccttcgtta 60
   ttggagccag gcctacaccc cagcaacccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct120
   tggcaccacc tactcttggt tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaa180
   tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgcgccttt acggacactg aacggttgat240
   cggatgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgccaa300
10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgtgtccag tctgatatga aacattggcc360
   ctttatgggt gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataca agggagagac420
   caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc480
   agaagcctac cttgggaaga ctgttaccaa tgcttgtggt cacagtgccg gcttacttta540
   atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggc tgcaatgtac600
15 tttaggaatt atttaattga gccaaacttg tgcctggtaa tttctttacg ggtttgggca660
   aaaaaaggtt t                                     671

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

   agtggaggag ggagagacgc tggcccggga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
   ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
   agtcgccaca cctttgcccc tgcctgcgatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
45  ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgtaga cttctttggg aatggggccac 240
   cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcggggggc cctgaagaag tccaatgcac 300
   cgcttgtaaa tgtgacctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgccga gccttcctga 360
   tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgac acgctggtgc 420
   cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggt ggagttcaag tgccagcatg 480
50  gagaagagga gtgcgaattc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
   agctagcctt cctgaccatt gtctgcattg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
   cactatgcct gcagctctac gcccagggc tgcgccaga cactatcatg gactgtgcaa 660
   tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgccc gaggacagat gctctccagc 720
   caccgcacga gtatgtgcc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgaa gatcagaccc 780
55  agtccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgac tgcccttcct 840

```

caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
 tgggaaggcga gtgggaaccc ggctgacctgc ctttttttct gatccagacc ctccggcacct 960
 gctactttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
 cccatgatca agaactctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaacta gtttaataag1080
 5 cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcacgctgcc acgccgacgc agaccctct 60
 ctgcacgccg gcccgccgc acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
 cgctggtgg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaaatagct180
 ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgta tggtaaaac240
 35 ctcaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttctgtac cctgggagag300
 aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa cttacagat360
 ggtgcattgg ttcagcatca ggagtggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
 aaagatggga aattagtggt ggagtgtgac atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
 gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
 40 aagtcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttcttcc tttttttttt cattactgtg600
 ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
 taggatcatc cctttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taataaaaaa aaaaaaaa720

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 837 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

```

15  ctctcgcgag gattggctgt tagcggcgtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
    cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtagag120
    cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180
    gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcacctct240
    atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc300
20  ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360
    aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420
    cactgggggg gttgggggtg gcttgggaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480
    tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540
    gatgaaatgt gaggatcctg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc600
25  tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660
    tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720
    taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780
    aagtcttggg aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

gtagggctcag cgctcggaggc ggtagtgacg gtggcggttc cttgaggaag agtgaggggt 60
ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
5 agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
tgacaatgta gaggatgact tctctaata gttacgagct gaactagaga aacatgggta300
taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360
taatacattc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
10 atctgcttgg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaaag480
gaaagagaaa aattgcgg 498

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

cggtcgcagc tgggtacaaca gggcacacgt gtttcacgtt gacaggtttg cttgggacgc 60
tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
atacagactg ttcctagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaata aatgcaattg 180
40 tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgtattt agaattggat caccgagaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
tctgtaattg tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatata 480
45 aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcatc tttccttcgg gttggcaaaa 600
tattttaaag gtaaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaatataga gtttggaata agcctgtgaa 720
aggtgtcttc tttgacttaa tgtctttaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50 agaaaaagatt atatattatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatttg taaatcttat 840
tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cattctgatt ttacatgtaa 900
aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
tgatccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta1020
tttctaataa agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077
55

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

25

cgcagggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
aactggaac acaaagatgc agccatctac ctagtgcacat ctttggcatc aaaagcccaa 180
acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240
aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
gacggatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaagaaca tcttttagtc 360
tcgattcctc tcttgattaa tcattctcaa gctgaaagta ttgttggtca tacttacgca 420
gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
gctgcagaaa tcgcaccgtt tgttgagatt ctgctaaca accttttcaa agctctcaca 540
35 cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600
ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctacagcttac acagaagcta 660
ttagctgta gtaagaacc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720
tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aaccctgctg ctgttgtaaa ttttgaggag 780
gctttgtttt tgggtgtttac tgaaatctta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840
40 gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttctctat 900
atggccttat ttcctcatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960
gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcgggt caaacacaat agcaagtgtc 1020
gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca 1080
aatgaccacc aagggtttta tcttctaacc agtataatag agcacatgcc tctgaatca 1140
45 gttgaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaa 1200
acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg 1260
gcactagcac tacaagaaat atttgatgg atacaaccaa aaatgtttgg aatggttttg 1320
gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380
gcggttgga taaccaaat actaacagaa tgtcccccaa tgatggacac tgagtatacc 1440
50 aaactgtgga ctccattatt acagtctttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500
accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560
ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgatc ctgtaggta aatgggtgaat 1620
aaccccaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgcctg tccaggaagg 1680
gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagga 1740
55 tagtagtagt tctgg 1755

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1545 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

25 gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgctgt cctcccgaag 60
 cggaccccggt gccccaggct cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccggcgc 120
 acgcctcccg cgagtcccgg gcccctcccg cgcctctctt ctccgcccgc gcgcagatgg 180
 gcgccccgc aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
 gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaaactg ctttgtgaat 300
 30 aataatcgtc aatgccagt tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaaag 360
 ctggctgcca aatgttttgt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
 gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgatcctga ctgcgatgag 480
 agcgggctct ttaaggccaa gcagtgaac ggcacctcca tgtgctggtg tgtgaacact 540
 gctgggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
 35 tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
 ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttata aactggatcc aaaatttatc 720
 acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgatc tggttcaaaa ttcttctcaa 780
 aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt attttgaaaa agatgttaaa 840
 ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
 40 ctggatcctg gtcaaaacttt aattttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
 cagggtctaa aagctggtgt tattgctgtt atgtggttg tggatagc agttgttgc 1020
 ggaattgttg tgctggttat ttccagaaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
 ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140
 atagaagaag ggaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
 45 catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg 1260
 tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc tttaccaatc ttgaaatttg accacaagt 1320
 tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttgga ctccatcggt aaaattat 1380
 atgtgttaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgcttcac agtaaaatct gaaaaactga 1440
 tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagctctg tacatacata cttttttatg 1500
 50 agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

g c g c g g t a t t a t c g g g t a g a c a t c t c g c a c c g c g t c t c g g a a a c c g g t a g c g c t t g c a g c 60
 a t g g c t g a c c a a c t g a c t g a a g a g c a g a t t g c a g a a t t c a a a g a a g c t t t t c a c t a t t t 120
 g a c a a a g a t g g t g a t g g a a c t a t a c a a c a a g g a a t t g g g a a c t g t a a t g a g a t c t c t t 180
 25 g g g c a g a a t c c c a c a g a a g c a g a g t t a c a g g a c a t g a t a t g a t t a a t g a a g t a g a t g c t g a t g g t 240
 a a t g g c a c a a t t g a a c t t c c t g a a t t t c t g g a c a a g g a t g g c a a g a a a a a t g a a a g a c a 300
 c a g a c a g t g a a g a a g a a t g a g a g a a g c a t t c c g t g t g t t t g a t a a g g a t g g c a a g g g c t 360
 a t a t g a g t g c t g c a g a a c t t c g c c a t g t g a t g a c a a a c c t t g g a g a g a a g t t a a c a g a t g 420
 a a g a a g t t g a t g a a a t g a t c a g g g a a g c a g a t a t t g a t g g t g a t g g t c a a g t a a a c t a t g 480
 30 a a g a g t t t g t a c a a a t g a t g a c a g c a a a g t g a a g a c c t t g t a c a g a a t g t g t t a a a t t t c 540
 t t g t a c a a a a t t g t t t a t t t g c c t t t t c t t t g t t t g t a a c t t a t c t g t a a a a g g t t t c t c 600
 c c t a c t g t c a a a a a a t a t g c a t g t a t a g t a a t t a g g a c t t c a t t c c t c c a t g t t t t c t t 660
 c c c t t a t c t t a c t g t c a t t g t c c t a a a a c c t t a t t t t a g a a a g t t g a t c a a g g t a a c a t 720
 g t t g c a t g t g g c t t a c t c t g g g a a a t a t c t a a g c c c t t c t g c a c a t c t a a a c t t a g a t g 780
 35 g a g t t g g t c a a a t g a g g g a a c a t c t g g g t t a t g c c t t t t t t a a a g t a g t t t t c t t t a g g a 840
 a c t g t c a g c a t g t t g t t g t t g a a g t g t g g a g t t g t a a c t c t g c g t g g a c t a t g g a c a g t c 900
 a a c a a t a t g t a c t t a a a a g t t g c a c t a t t g c a a a a c g g g t g t a t t a t c c a g g t a c t c g t a 960
 c a c t a t t t t t t t g t a c t g c t g g t c c t g t a c c a g a a a c a t t t t c t t t t a t t g t t a c t t g c t 1020
 t t t t a a a c t t g g t t t a g c c a c t t a a a a t c t g c t t a t g g c a c a a t t t g c c c c a a a a t c c a t 1080
 40 t c c a a g t t g t a t a t t t g t t t t c c a a t a a a a a a a t t a c a a t t t a c c c a a a a a a a a a 1133

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

45

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 791 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

```

g c g c c c c g c g c g g a c c c g g c g a g a g g c g g c g g c g g g a g c g g c g g t g a t g g a c g g g t c c g g 60
g g a g c a g c c c a g a g g c g g g g g g c c c a c c a g c t c t g a g c a g a t c a t g a a g a c a g g g g c c c t 120
15 t t t g c t t c a g g g t t t c a t c c a g g a t c g a g c a g g g c g a a t g g g g g g g a g g c a c c c g a g c t 180
g g c c c t g g a c c c g g t g c c t c a g g a t g c g t c c a c c a a g a a g c t g a g c g a g t g t c t c a a g c g 240
c a t c g g g g a c g a a c t g g a c a g t a a c a t g g a g c t g c a g a g g a t g a t t g c c g c c g t g g a c a c 300
a g a c t c c c c c c g a g a g g t c t t t t c c g a g t g g c a g c t g a c a t g t t t t c t g a c g g c a a c t t 360
c a a c t g g g g c c g g g t t g t c g c c c t t t t c t a c t t t g c c a g c a a a c t g g t g c t c a a g g c c c t 420
20 g t g c a c c a a g g t g c c g g a a c t g a t c a g a a c c a t c a t g g g c t g g a c a t t g g a c t t c c t c c g 480
g g a g c g g c t g t t g g g c t g g a t c c a a g a c c a g g g t g g t t g g a c g g c c t c c t c t c t a c t t 540
t g g g a c g c c c a c g t g g c a g a c c g t g a c c a t c t t t g t g g c g g a g t g c t c a c c g c t c a c t 600
c a c c a t c t g g a a g a a g a t g g g c t g a g g c c c c a g a c t g c c t t g g a c t g t g t t t t c c t c c a 660
t a a a t t a t g g c a t t t t t c t g g g a g g g t g g g a t t g g g g a c a t g g g c a t t t t c t t a c t 720
25 t t t g t a a t t a t t g g g g g g t g t g g g g a a g a g t g g t c t t g a g g g g t a a a a c c t c c t t c g 780
g g a c a c a a a a a a 791

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 599 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

```

t c c t g c c t t c a c c a t g a a g t c c a g c g g c c t c t t c c c c t t c c t g g t g c t g c t t g c c c t g g g 60
a a c t c t g g c a c c t t g g g c t g t g g a a g g c t c t g g a a a g t c c t t c a a a g c t g g a g t c t g t c c 120

```

tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180
 gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttgtggc atcaaatgcc tggatcctgt240
 tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300
 5 tttgatgctt aacccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcgaagc gtgacttgaa360
 gtgttgcatg ggcatgtgtg ggaaatcctg cgtttcccct gtgaaagctt gattcctgcc420
 atatggagga ggctctggag tcctgtctctg tgtgggccag gtcctttcca ccctgagact480
 tggctccacc actgatatcc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540
 agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaa aaaaaaaaa 599

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 643 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

35

gggcccgcgg ctccggcgta ggaggcgggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcggaacc 60
 cgagcaggac tctccagtcc tcagtcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120
 atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaagggtgt ggtaacaggt ggggctggct180
 acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tggaggtgg ctacttgctt gtggatcatcg240
 40 ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300
 aggagctgac aggcggctct gtggagtgtg aggagatgga cattttggac caggagagccc360
 tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcgggtcat ccactttgcg gggctcaagg420
 ccgtgggcga gtcgggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480
 tccagcttct ggagatcatg aaggccacg gggatgaaga cctggtgttc agcagctcag540
 ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacggggtg600
 45 ggatgaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgccctccaga ggactggcca cattttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcaciaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggtttgattc acctgctgcg aaaaacattc360
aacaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcacatcc480
tgaaaagaag gagacagggg tttttttaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttcttcc540
cttccttttt tcctcttttc cttctttctt tctctttctt tctttttaa atatattgaa600
gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30 ggaggtgggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttttg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttggaatt ggggtggga                                     860

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```
5  cggggctcgc ccagcctggt ccggggagag gactggctgg gcaggggccc cgccccgcct 60
   cgggagaggg gggccggggc gggctgggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgcgc 120
   gcgcccgcag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaatggc 180
   agacaatttt tcgctccatg atgcgttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
   gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggcagggggc taccagggg ctctctatcc 300
10  tggggcctac cccgggcagg cacccccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
   ctaccctgga gcacctggag cttatcccgg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
   acccagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg ggcctaccc 480
   tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
   gcctggggga gtggtgcctc gcatgctgat aacaattctg ggacgggtga agcccaatgc 600
15  aaacagaatt gctttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacg 660
   cttcaatgag aacaacagga gagtcatgtt ttgcaatata aagctggata ataactgggg 720
   aagggaagaa agacagtcgg ttttccatt tgaaagtggg aaaccattca aaatacaagt 780
   actggttgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
   tcatcggtt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20  caccagtgtc tcatatacca tgatataatc tgaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaga 960
   atctaaacct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt tttacattca 1020
   tcaatatccc tcttgaagt catctactta ataaatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaaa 1080
   aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg 1140
   aggggggggg tgggt                                     1155
```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 522 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```
50  aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccgccac 60
   attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaatcttg aatgatacga ttatgcccac 120
   tattaagtaa aaaatataag aaaaggttat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct 180
   gatgaaggca tctgatgcct tcatctgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca 240
   ctttttggtt ggcaatatga aatttttaaa ggagtagaat accaatgat agaaacagac 300
55  tgctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta 360
```

atttgattaa ttttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420
tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaaca480
ttctaattaa aggcctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1628 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

30 ccagctcgcc ctgcctagcc aggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
gccgcttcca ataggcggtc gccattgggt ctggcgacct ccgcgcgttg ggagggtgtag 120
cgcggtctcg aacgcgctga gggccgttga gtgtcgagg cgcgaggggc gcgagtggg 180
agcagaccga ggcctcgccg gccgagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccggaaa 240
ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gacctcccg gagcgtcgcc acctgaacgc 300
gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttccgc acctgatcgc gagaccccaa 360
35 cggttggttg cgtgcgctgc gcgtctcgcc tgagctggcc atggcgagc gtgcgggctg 420
aggcggagcg ggcgtttctc gccctgctgg gatcgctgct cctctctggg gtcctggcgg 480
ccgaccgaga acgcagcatc cagcacttct gcctgggtgc gaagggtggg ggcagatgcc 540
gggcctccat gcctaggttg tggtaaatg tctactgacg atcctgccag ctgtttgtgt 600
atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgacca ggaggagtgc ctcaagaaat 660
40 gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggtt 720
cctctgtccc aagtgtctcc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780
actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tctactggcc ttgccgtgca tccttcccac 840
gctggtactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960
45 agaatcctcc cctgccccctt ggtctaaagg tgggtggtct ggccggggctg ttcgtgatgg 1020
tgttgatcct ctctcctggg gccctccatg tctacctgat ccgggtggca cggaggaaac 1080
aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaaga 1140
acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg ggggaaggag gggagactat 1200
gtgtgagctt tttttaataa gagggattga cctcgatttg agtgatcatt agggctgagg 1260
50 tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctggctcg gcaggatgg gtttgctttg 1320
gaaatcctct aggaggctcc tcctcgcatg gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt 1380
ttcctcgctg atcgatttct ttctccagg tagagtttct tttgcttatg ttgaattcca 1440
ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaaatcgt tcttttgttt gtctgattta 1500
tggttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa 1560
55 tgtacaagt taataaaaag ggccttccc cttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1628
aaaaaaaa

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
5 (A) LÄNGE: 605 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

25 cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcatcagg 60
actggcttta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgcgaacgtt aagtcgctcc120
ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaa180
ctcccgcgga cgtgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
30 cgtcctgggc tggctggccg tcacgtgtgt ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300
cttcacgag agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360
cgtggtgcag agcacggcc agatgcagt caagggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420
gcaggacctg caggcggccc gcgccctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480
cgtgctgctg tccgtggtgg ggggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540
35 ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaata600
gggtg 605

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2731 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```
10 aggggggagg acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaagtag tagaagtagc 60
   agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagagggaaga 120
   ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtgaa gaggtggttc 180
   gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgatc tcccgctggt 240
   actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggcggaacc 300
15 ggaacaactt tgacacagaa gactactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
   cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
   aacatgcccc ttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
   cccagggtcat gagagaatgg aaagagggag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
   ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtggg atcttttgaa caggaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaagcc atgctcaatg 660
   accgcccggc cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
   ctgctcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
   acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tgggtggatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
   ggtcccagggt tatgacacac ctccgtgtga ttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
25 tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagttgat gagctgcttc 960
   agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagttaa ccaaggatca 1020
   gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc 1080
   ttcccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg 1140
   actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgccgcg cctgctgccg 1200
30 accgaggact ctgagaccga ccaggttctg ggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
   ctgaagttaa gatggatgca gaattccgac atactcagg atatgaagtt catcatcaaa 1320
   aattggtgtt ctttgacaga gatgtgggtt caaacaaggg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
   tgggcccgtg tgctatagcg acagtgatcg tcacacctt ggtgatgctg aagaagaaac 1440
   agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc 1500
35 gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc 1560
   agatgcagaa ctgagcccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct 1620
   tcaactacca tcggtgtcca ttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga 1680
   ttactcatt atcgctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttgaal 1740
   ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggtctc tatactacat 1800
40 tattaatggg ttttgtgtac tgtaagaat ttactgtat caaactagt catgaataga 1860
   ttctctcctg attatttacc acatagcccc tttagcagtt gtatattatt cttgtggttt 1920
   gtgacccaat taagtcctac ttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcatgt 1980
   gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgc taagtattcc tttcctgac actatgcatt 2040
   ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgcttttag agatttttt tccatgactg 2100
45 cattttactg tacagattgc tgcttctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac 2160
   acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct 2220
   ttcttttttt tgtccacgta tctttgggtc ttgtataaag aaaagaatcc ctgttcattg 2280
   taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat 2340
   tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct 2400
50 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg 2460
   aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt 2520
   caattttctt taaccagtct gaagtttcat ttatgatata aaagaagatg aaaatggaag 2580
   tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct 2640
   tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta ataaatata ttcttgagg agccaaaaaa 2700
55 aactatatta ctggcaggtt tataatatgg c 2731
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2194 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

```

gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgctcct acccagcgag atttattcca gtgaacaac aactggaact tcaagtaact 180
25 cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatec aactaatgcc accaccaagg 240
cggtctgttg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacaggtc ttcacgaat 420
ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaaa tttgattgat 480
30 ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
acaggtaata taaaaagcct ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780
35 gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgtataactc 840
tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt ggggaactgaa ctcaactttc 900
tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat1020
ccatattgag tcaaattgta ggcattttct atcacctgtt tccattcaac aagagcacta1080
40 cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgca ctaatttcaa1140
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgccag gccggagtgc1200
agtgggtgca tctcagatca gtgtaccatt tgccctccgg gctcaagcga tctcctgcc1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgccggct aatttttga1320
45 attttagtag agacagggtt tcacatgtt gccaggctg gtttcgaact cctgacctca1380
ggatgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccccgcgc1440
cagccatcaa atgctttttt atttctgcat atgttgata ctttttacia tttaaaaaaa1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaaggaa1560
gtcaaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt1620
cacaaccttt tatactcttt ctgtatatat atttttttct tttaaaaaac aactatggat1680
50 cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tatttttaga tagttagaac1740
ctggctcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttacia ctgcctcgac1800
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca1860
ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc1920
tttttttcca tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac1980
55 tgtgtgtgtg aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttggattg2040
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tccatagtaac ttcttatgga attgatattg2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa2160
aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc 2194

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1812 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

```

25  cggaaggtgg accttggatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60
    ggccgcacgc ccaggcccgg gcccgcacga ggccgaggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120
    aggaacatg aaacagacc tacaggcagc tctgaagaac cccctatca acaccaagag 180
    tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaaagc 240
30  taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaataaa 300
    gtatatattt aaaggatttg agagcccgtc tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360
    gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt aggggccatt gttcgtgtct tgactgcaag 420
    aaaaactgtg tagtctggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480
    caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
35  tttgccttct tgccttttca tatctgtaaa gaaaaaatt acatatcagt tgccttttaa 600
    tgaaaattgg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
    accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatatgata atttacattc aagttaaatt 720
    gtgcaacttt taaccctgtg tggtgtgttt tttgttctgt tttgtttgtg attattttta 780
    actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840
40  gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
    atatttcctt tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtgggtggg tgaataccac 960
    tgccaagtta tagctttgtt tttgcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta 1020
    tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggcccctcaa tttatttgtg gtcaccagg 1080
    gttcagagca agaagtcctg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttggtgg 1140
45  gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaatca 1200
    gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatggtgta atttaaactc tgggcagcct 1260
    ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata 1320
    caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaaat gtcttcagtg ttcttcagg 1380
    tagttgggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc 1440
50  tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttgga 1500
    aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagtagc 1560
    tctaaaacaa accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat 1620
    gccagttttg taatcactga cttatgtgca aactggtgca gaaattctat aaactctt 1680
    ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaat gataaaact 1740
55  cagaaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaaca aattgaagaa gaggatgg 1800
    atttcgactt gg 1812

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccgga ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgagc aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
30 gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcggttga ggcttcccgc ctggcgcatc acaacaagcg ctcgaccatc acctccagg360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35 tctctggaat ttcttgatat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctatagtgac600
ttttccacaa gctaaagctg gctcttgat ctcttcaga ttccaaagag aatcatttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttccctca720
aagaattgtc tacattaccc atctctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtaccccaact ggggggttgg ggtaatatc tgtggtcctc agccctgtac cttaataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2627 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```
15 ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
accttttagtg aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taactttatag ttgtgatccct 120
gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgattttattg tgggtgacaat 180
tcagtgtgga gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtgggtca aatgtcgatt tccagtagtc 240
gaaaatggaa aacagatatac aggatttgga aaaaaatddd actacaaaagc aacagttatg 300
tttgaatgag ataagggttt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atccccagct tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
ccaggatata ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg ggtcattgct 540
gtgattgtta ttgccatagt tgttgaggtt gcagtaattt gtgtgtccc gtacagata 600
cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatgtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctgggtttgcc 720
agtccatctt ttgactctat taaaatcttc aatagtgtt attctgtagt ttcactctca 780
tgagtgaac tgtggcttag ctaatatgtc aatgtggctt gaattgtagt agcatccttt 840
gatgttctt tgaaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcccttaaa 900
taacacttag atttatttga ccagtcagca cagcatgcct ggttgatta aagcagggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaatg aaattatatt1020
ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt tttgttcaa agattaatgc caactcttaal1080
gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatac gttcattgta aaaagccctt1140
aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg1200
aatatgcaca aacttggtct ctttaacca gaattattt ggaaaattct ctaaaagtta1260
35 atagggtaaa ttctctattt tttgtattt gttcggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt1320
atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat1380
ttcagaatca gatgcactct ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag1440
tgccacttca tgggtgcgaag tgaacactgt agtcttgttg tttcccaaa gagaactccg1500
tatgttctct taggttgagt aaccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc1560
40 tccttaataa aagagagggg ttaaacatgc cctctaaaag taggtggttt tgaagagaat1620
aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattctagt ccatttcat tgcccttggt1680
agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaagtaal1740
gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctgttgattg taccaaggga1800
tggaagaagt aaatatagct caggtagcac tttatactca ggcagatctc agccctctac1860
45 tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc1920
cactgcattt catatcacac tgtttaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac1980
aaattgggcc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga2040
agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttcttt2100
cctttgtagt ctctggcaag atgttttagg aagataaaa tttgaggaga acaaacagga2160
50 attctgaatt aagcacagag ttgaagttaa taccctgttc acatgtcttt caagaatgtc2220
gcaattacta agaagcagat aatgggtgtt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc2280
aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc2340
acatttgatt ttttcaaatt taatatttat attagagatc tatatatgta taaatatgta2400
ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa2460
55 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaat ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa2520
tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa2580
atctgttaaa ataaaattgt acatttgga aaaaaaaa gccaataa 2627
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

25  ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccg gcctcatcgc 60
    cgtcacgtg gtggctcgtg tggccctcgt cgccggcatg gccgtcctg tgatcaccaal20
    ccggagaaaag tcgggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
    ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggt240
    atcgtccccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
    cctttcaaat tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accaggttta atagatcctg360
30  gcctcagggt ctcttttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
    ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
    ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
    cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaatgagt ttagatggga aatagcgttg ttatcgctt600
    gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggc taccgaggga gaagaggagt660
35  ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
    gcttgtcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgtctttgag780
    gacagacatt gcccggaac tcagtctatt tattcttcag ctgccccta ctgccactga840
    tattggtaat gttctttttt gtaaaatggt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
40  gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
    aaaaaaaaa aaaaac                                     976

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

cttcgggggt gactgcctct tccagggcgg gcgggtgtgt gcacgcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
15 ccgcttgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggc tgtgctgaac 180
gggaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttcatatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360
gaatcaaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
20 attactgaat ttagatttgt gcctagtgtat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
25 gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tggcgctctt tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaacttga tgaattaact 1020
30 taaccaagag ggtatttgtg ttttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc 1080
tctgagttag cctataattc ctaccttgac tgtgtgcatc atttgtaagc tagcagatct 1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcctttcgc 1200
catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttagggttga tcctttaatt tccagccttt 1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtcctcaaa gtacttcaaa 1320
35 tggtaattgt tttgtttttg taatagctta acaaataaac ctagggtttc tatattaaaa 1380
aaaaaaaaa aaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2639 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

```

5  tccctatctt acccttcccg attctccttt tttcttttct tttttatat ggctttcttc 60
   ttttctttct ttttttttcc ttcccctttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120
10 ttggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgtaa 180
   atagaacatt ttgaaggtag acacacaccc taaccaggt tttttaccg ctttttaaga 240
   tggccaattc ttcttctccc ccccaaccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300
   gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgaggagaag attccaatta 360
   cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaataa gttcctgagt ccagattta 420
15 caatattaca gcactagcag atcagtgctc acaactcctc tttttctgct gtatcctctt 480
   caccagttgg gggagggcct gcacttccat agagtttgct gataattggt tgaacaattt 540
   cttccagttc ctttctctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600
   gccattcaat ctttcttctt acagcttttt ccatggcttc cttatcttca gaggaaagtt 660
   tactccccg ctttcttcta tctccaactc gattctttag agaataggca tagctttcca 720
20 actcatttct agtatcaatg cgctccttga gctttttgtc ttctcagca aacttctcag 780
   catcattaac catcctttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctggtca ttggtgattg 840
   tgatcttatt tttgtccct gtaccctgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900
   catctatctc aaaggtagt tcaatctgtg ggacccacg aggagcagga ggaattccag 960
   tcagatcaaa tgtaccaga agatgattgt cttttgtcag ggggtcttca cttcatagala1020
25 cttgattgt aacagttggt tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg1080
   taggcaccac tgtgttcctt ggaatcagtt tggatcagac acctcccaca gtttcaatacl1140
   caagtgaag gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga1200
   gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg1260
   atggttcctt gccattgaag aactctttaa ccagttgctg aatctttgga attcgagtcg1320
30 agccaccaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca1380
   ctttctggac gggcttcata gtagaccgga acagatccat gttgagctct tcaaatttgg1440
   cccgagctag ggtctcagaa agtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattctt1500
   cttgatgctg agaagacagg gcccgtttgg cttttctac ctgcgcggc agtttctgca1560
   cagctctatt gtcttctctg acatctttgc cgtcttctt tttgtacagt ttgatgaagt1620
35 gttccatgac acgctggtca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtggcca1680
   caacttcgaa gacaccattg tcaatggtga gaagagacac atcgaagggt ccgccaccca1740
   ggtcaaacac cagagtggtc ttctcccct cctcttate caggccataa gcaatagcag1800
   ctgccgtagg ctggtgatg atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt1860
   tgggtgcttg gcgttgggca tcattaaaat aggctggtac agtaacaact gcatgggtaa1920
40 ccttctttcc caaataagcc tcagcggtt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaaa1980
   tttcttcagg agcaaatgtc tttgtttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatggt2040
   tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgtctgc acagacgggt2100
   cattccaagt gggcgcatg agccgcttg cgtcaaagac cgtgttctcg gggttggagg2160
   tgagctggtt cttggcgga tcgccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat2220
45 aggacggcgt gatgcggtt ccctgatcgt tggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga2280
   acacgcccag gcaggagtag gtggtcccca ggtcgatgcc gaccacgtg cccacgtcct2340
   ccttcttctc ctctcctcg gccgcgcgg cgtgagcag cagcagcatc gcggccacca2400
   gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgta2460
   gcacaggagc acagtcgaat ttccgacttg caggcgccag gggcccgagg tcacaaggcg2520
50 ccacgaacca ggcgaaggc aggtctagaa atacaggccg cgcgcttcc ctctcacact2580
   cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcacc gacccttag 2639
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

ctccccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg cccccgccc 60
 gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgccca ggcccgctag ccgcccgcct cctcctcagc120
 20 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
 cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
 gacaacctca agtgctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
 gagggttctt gcccccagggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
 tgccagggtg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
 25 gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaaggag480
 agaaagtctt tgccctggccc tgcattctgt tccagccac ctgccctccc ctttttcggg540
 actctgtatt cctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
 actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

```

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60
ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgccg gtctgttcct ccccatggga120
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaga gaagacaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
5 accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccagggt gccagcccgg cgagttcacg300
ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
aagatcacc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcac480
10 cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttcctgt cccaatcgac540
cagtgtatcg acggctgagt gcacaggtgc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacaccat600
tgaggagct gggagaccct cccacagtg ccacccatgc agctgtctcc caggccacc660
cgctgatgga gccccacctt gtctgctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaa 719

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

```

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
ttgcgttcca aggcattctgt gagcccgcg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagt atcattgaaa ttaaatgggt gcagacatgt180
ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
gatggcgact agtggacaac agaacaatat tggaatgggt gtaatacgag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
45 tcctctctcc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480
cttataatat ctgc 494

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1065 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

20  acgcggtga ctacgtcaa agctccattg ttagatcett tctgtcctcc ttctggctc 60
    ctccttcctc cccaccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
    cactctgcgc ttcacatgg ctttcattgc caagtccttc tatgacctca gtgccatcag 180
    cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
    tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
    ccgctttccc aggcgcctgg tggtccttgg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25  gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtctcg ggggtggata 420
    ccagccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggatgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
    cttcgcctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gacccatttt ccctcatgac 540
    cgatcccaag ctcacatctt ggagccctgt gcgccgctca gatgtggcct ggaactttga 600
    gaagtctctc atagggcccg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ccttcccaac 660
30  catcaacatt gagcctgaca tcaagcgctt ccttaaagt gcatataga tgtgaactgc 720
    tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
    caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgagagcct 840
    tgcctttccc ctctgcctgt ttccttttcc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
    tgggctccaa gacttggtga agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
35  ctcattgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaa 1020
    taaagggcag gtgtggaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gcgcccgcctc ttcgcgcctct cgttttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaal20
10 gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt180
acccagagaa ctttccaaac aagtaccta aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg ggttcattac atgattcatg agccagaacc300
acatatctct ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgtcaa atctttttca aatttaagt atgtgtgtat ataaggtagt attcagtga420
15 tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaaagt540
tcttccagtc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatggt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gtccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggaagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaacc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtcttgagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
45 ctgctatgac ggttactctc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgtcca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttaccg tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aaggtggctc 540
50 ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctcttcatg tacgacacc ctcaagaggt 600

```

5  ggccgaagct ttcctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
   gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gacccttcag gctccatgaa 720
   catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
   aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttaa ggtgtgaagc caagatatgg 840
10 tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
   taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
   gtcaagggact aacaccaaga aggccctcca ggcaagtgtac agcatgatga gctggccagaa 1020
   tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgccatgtc atcctcctca tgactgatgg 1080
   attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata 1140
15 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttggggt 1200
   cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca 1260
   acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga 1320
   tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta 1380
   ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ctttcaaagg gacacgagag 1440
20 ctgtatgggg gctgtggtgt ctgagtactt tgtgtgaca gcagcacatt gtttactgt 1500
   ggatgacaag gaacactcaa tcaaggctcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat 1560
   agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc 1620
   tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca 1680
   gactatcagg cccatttgtc tccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc 1740
25 tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaagaaa 1800
   gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaacc gccccggggg gg 1842

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

50  ggccgggtata aaagccccac ccaggccagc cggctctgct cagcatttgg ggacgctctc 60
   agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
   agctcagctt ggagggtgat cactctacac ccccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
   atactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
   gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
   atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaaact tgcatcagca ctgaagtcag 360
   ccttatctgg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
55  acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
   agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540

```

```

5  tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
   tgatgggtgc cctggcaaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
   tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
   ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
10 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaaag atcaggaaaag aggttaaagg 840
   agacctggaa aatgctttcc tgaacctggg tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900
   tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
   aatcatgggc tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
   gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaagc1080
15 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgaca cggcctgagc gtccagaaat1140
   ggtgctcacc atgcttccag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgcgaaat aacagtcctc1200
   gtggccatcc ctgtgagggg gacgttagca ttaccccaa cctcatttta gttgcctaag1260
   cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tctaagccaa agaatgaac attccaagga1320
   gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac ttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
20 atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa1440
   ttgtttgaaa attaaacgtg cttggggttc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
   gctctgggac tgagctgtac agtatggtg cccctatcca agtgtcgcta ttaagttaa1560
   atttaaatga aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1033 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

45 gtcgcagctg accctcgctc ccgccccgc ctggagtccg acgtggaagt tgctggctga 60
   ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
   ggcgaggggag gacagggggg tcatcatggg tggctttttc tcaagtatat tttccagtct 180
   gtttggaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
   aattttgtac agattacaag tgggagaagt tggttactact atacctacca ttggatttaa 300
   ttagagagac gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50 aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
   agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagtgt ccattgttga 480
   ggaagaagag ctgagaaaag ccattttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
   ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
   atggcagata ttcaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55 gttagtgtgaa acattaaaaa gcagacagta attcagtcctc ttcttctccc ctgaaatgaa 720
   gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgtg cttcacacta ctatagtgtt 780

```

5 aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840
taagtattta gttggagga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaa 900
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatattct atttgatgg aattcttatt 960
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020
aaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

25 ICLLVHVFVSR AKTVNLTFYSY WWVITENKDL FSCSLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60
TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLEFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIAVVRD NIAISGMLQA60
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60
T 61

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWTLETPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPCK SLDFVFYKNS60
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDITYFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHYKTTTS60
LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60
EWNQKNVVS 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLPK180
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEEV LRKRFETTAV120
NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240
RLEKYPQAI YTLCSSCALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLLELDNVI300
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINSdT NIRWNNYIAG360
10 RAFVLCSAVS DFDIVTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420
GKY 423

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTEEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120
WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHDLD LMVDYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKEI60
LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGEGSWTA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQROQKEE60
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

40 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFICK QHTRKAELRN60
ADVYGKKEQK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

10 SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAESPWS60
AMYKLG 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

30 RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAP120

LFEELRQVVE VS

132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60
NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSP EL EYIPRKRKGN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSV QT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGKPKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

35

EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESEGS 60
SEKSSAASEE EEEKESEEA LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSDCSGY HTACLRPPLM120
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLVD ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPQE180
PDFSEDQEEK KKDSKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEADAIED DIKEADGGGV240
GRGKDISTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180
SSTSS 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 10 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KROPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPF AE YMMENEEEF NRQIEEELWE 60
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120
NAKEFVPGVK YGNI 134

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- 35 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60
EPSLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLEDFDFF FFYVIFGKTH SELYLVT 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLC60
L 61

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GWLERLGHG 60
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPP DASASGPRGG120
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 214 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60
SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120
PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180
KVIYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIFN LTMCGGLSCL NLFRVCSVH QMGRSGMGHL RPFRSGLNRM LEPRLDSDL60
RF 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WWKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLLISRKIQ NTSPARLTCV YIIYKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLKVVMMWF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60
KREKGGKGRK RRGE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSATIIQIAQP60
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LFFLFYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60
KTIHEE 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120
FDPFELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

KSLLFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60
KDSCMAALTS HLQNSNNNSN WNLRTSKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120
EDEGVDDVNF RKVRKPKGKV TILKGIPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCSEQKTSGLINK240
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSAEVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420
5 EYLTQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

45 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 ADSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSLAVI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQLSGH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60
PLPQSHQPAR GAD 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60
RV 62

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQOK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60
EAEFEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPWCCLD DWPSEKAMY PDYFAKREQW120
TKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWWYIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

10

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADVVCNI R 131

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

35

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

50 LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLGPE EASQMGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDS DGERED SAAERARQQL 60
EALLNKTMRI RMTDGR TLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPSDFS SAGE PRVLGLAMVP120
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60
LQSRVQQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGGET RGCGRQERKA60
ERRVCKNAKV TFPIVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60
LVSFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTTPG AQTACGSRTS120
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRCPPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60
TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120
YLRTVSAP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

20 DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLFPF SLFSLRSLFQ60
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

40 LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60
FP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKI PVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60
QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

15 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

30 GNPPLPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGLAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60
LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLO GAGLQQAQNA AYSVSLPPGC VGHLPWPHRL 60
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPSP120

GCYRY

125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20 RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCN GLKSKYYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
25 SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45 AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNP GCGHR F 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIYWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60
LETFLKLFSL LDEKDKGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60
PERLEFHRPQ SAPFHC SRHI K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

KTTHGPCQN HLPPPHCFK RPTLSKGD IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60
SGWHESLSLP SCSFMTNVR TQ 82

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPSSSRSSL AGQNTQHS SARES

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMSLSSSRR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60
ISWASMVPEW L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLESGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISSL60
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60
VSTYRISRQ PYRVCQTWLR RSKARRTST SDSSRLAAV A 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPSPQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLA AH ASLRFACLLL LFNRRFFGRQW IFLLRLCLLQ 60
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDQYLELN ALQEEELGPFQ LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVVPNFQ 60
LFEKGDVNGE KEQKFYTFK NSCPPTAELL GSPGRLEWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDGI120
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

LMPPPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120
WGQHLPHAHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDIT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
KKKRKKKKKK 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15 AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60
SSGPVGGRRR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSLNLPLCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60
DSSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPVKKKKEK GKKEGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5 GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLAL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120
TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTCAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPTSTS120
30 NQQKEKKEKK KRSFQGMG RRHNL 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

50 PALSHLPRHQ INRKKRKRKR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60
LKKTAVKTVW VEGLSEDGFT YYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120
SKSSDSHSDS DGEQEAEEGG VSTETEKPKI KFKENKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180
SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKE240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

20 GKGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
REEKKILQR ADG 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

40 IWNFOALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60
KGNEVMIQ 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- 45 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

10 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDNN NAGSGQSVS VNNEHNVANV 60
DNNNGWDSWN SIWDYNGGFA ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQKGKPI20
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHFEVHN ACLLLKESGC SKAISIIIPDG60
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPFEMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60
LLLLALVAGE VLQDHRLALQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

5

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60
RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120
RSHSSFSDRF RRSLMT 136

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

30

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

45

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYFSDK IQMPLLCGYR RNPSTGNKAH 60
FQNYHQRRPP ESYPOAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

50

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

```
LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQKAV VLEYFTRHKKR KKKKKKAKGF 60
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLCSG LKPDTPQPMI QAKLLKADLH120
GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

```
PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLI SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
PILLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
FISAISRSKL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDL HLNVRNLEES300
SGVENSPAGA RPKRKNNKSY DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQUELES YRAQEDEVKR360
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSAVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
LDVYFEYEEK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540
LVLKQONLPV TRILDNLMEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600
GGNYIEYQNL VDYIKGKQGK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMVESPT 60
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGG C 101

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

35

QLGWIFYFMS YPLHAHHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60
SPSPVQTRLD IWEQVG DSTM CSQM GILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60
ITVASTS 67

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TIISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGK LQEVAEQLEL ERIGPOHQAG 60
SDSLTGMAF FKMREFFED HIDDAKYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60
IYTRKRSLNI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120
LRCHSYKPP ISHPIYWNNP SRMNLGRLS RQSHLDPILR FPLHLTIYR GPSNRSPPLP180
PRNRKQPNR IKLR CR 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIIVTLGINQP HLAFLHICTH AFFKAILFIC SGSIHSLAD120
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGFLLALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60
SLKTSLSLTD LIWLEKTIPK STSLHTNIT TLTTNQKGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120
NLE 123

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

NMLLAEVRIIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60
30 ILSSIEFMVT QCQVVIYIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120
GDSRRMKIK 129

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20 SMMLEFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120
TS 122

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFPF HSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60
RK 62

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMLSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECVNIID60
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHEGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60
YGGI 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88
25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGM 60
45 DAVRIMAKDL VRTRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- 50 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCS RS SSRMARFR ALWFCRSSSS 60
GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAGHL GDTLHGLCHR 60
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDVCI V LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60
SLQKSTEV MK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEAE120
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEALEA MQSRLATLRS180

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSQNLQ ERWLPQMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
30 ALHLCCEDYH FGE GSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFP A 60
50 EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVLGL VVSVSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

45 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

50

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

```
KARRRGTMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120
15 KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE 196
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

```
PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60
LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVQORTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120
35 TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

5

RRLEVSYSRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YR 132

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120
30 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCKTSFE 159

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

50

ATLPDALPPA TKFFLKAFFD SLPSPISQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLESTYR IRD 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPQ TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRRACAL CLRPSTQPNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60
DMLYSAGSRV SGRVRRDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFFIVG VIIGKIAL 158

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120
STTFLCWQIC FQIDF 135

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60
ATGQVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNV LIIPLNFIICC120
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGNAS YSVNFSSTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

35 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60
EDEQILVLD PTDLKFPGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTPARRY CVRPNSGIID120
40 PGSTVTVSVM LQPFDDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180
FEMPENDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGP PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAE DSVM D180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

40 (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
 ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120
 AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGSG MGGSGMGY RDGMDNQGGY GSVGRMGGM180
 5 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYGQGG MSGGGWRGMY 220

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTTACAG CTCACTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60
 TCTGGGTACT GGATTAGATG AACTCTTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120
 35 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180
 ACAGCAGAGA GAACAACTGG AACGCCCTCG AAAAGATATG GGTCTGTAG CCTTGGATGC 240
 AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCTT TCTGATTGA TCCTGACTCG 300
 ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360
 CCATGAAGAG CCAGCATTCG AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420
 40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGA 480
 CCTCCACGTG AAAGAACTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCATAAG GGATAATTTT 540
 CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600
 TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTTGGCCTTT CCCTTGATT 660
 TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACTTC AAGTTTATC 720
 45 ATTTGAAGTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780
 AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840
 CTCTTGACCC TGCACGTGTA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900
 GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960
 CCTCACACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTG GAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020
 50 GATTAATGAA TCAGAATCCT GTTTCATTGG TGAATTGGAT AAAGACTTTT TAATTTTAA1080
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAA 1105

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1088 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

20

```
ATTCCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60
CAGGCCCCGC CGGGCCTTCC GGGCCAAGCT TCGCTTCTT AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120
AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTGCA 180
25 TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTCATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTCG AACCGGTGTT 240
GATCAGTGTA TCCAGAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300
AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360
CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420
CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCGC CGACATCCCT 480
30 CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAACA TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540
ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTTGGCCT ATGAGTGGGC TGATGCGTGA GGTGCGCCAC 600
ACATTCCTTC CTGTGGACTT GACATTTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCATT 660
TTAGTTTTAT GCTCCCATTTG AAAAATTTTC CACTATTTT ATAAGCTGTT AATTCTTGA 720
GTACTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGGATA AACCAAGTAA GTATTTT TTTGTCTTAA 780
35 GCCAAGTTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840
TTAAATTTT GCATGACTTT TCATCTTTT ATGTGTGTTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900
AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CCTTATGATA 960
ATTACCCCGC GGTGGTGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTTGC TCTGTTTAA GACTTTGAAC1020
TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1080
40 AAAAAAAA 1088
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 3292 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

```
ATGCCGAAC TCTGCGCTGC CCCCACACTGC ACGCGGAAGA GCACGCAGTC CGACTTGGCC 60
TTCTTCAGGT TCCCGCGGGA CCCTGCCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120
GCAGACTTAG AAGATAAAAC ACCTGATCAG CTAAATAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180
CATTTTGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAAGT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240
GCAATACCAA CAATATTTGA TCTTACCAGT CATTTGAACA ACCCACATAG TAGACACAGA 300
AAACGAATAA AAGAACTGAG TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAAACAGAA AAAAATTGAT 360
GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCC 420
AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTTAC CTCTAACCTT TGAAGAGAAG 480
GAAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTT GAAATCTTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540
ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCCAGAAG GTCTCTTTAC TCCAGATAAC 600
TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAT TCTGGTGAAG AGGTTCTGAG AAAGCGGTTT 660
GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTTTTGT TCAAAAACAC AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720
ATCTGTGAGA GCTGTATTCT AGAAGAAACT CTCAGGGAAG TGAGAGACTC ACACTTCTTT 780
TCCATTATCA CTGACGATGT AGTGGACATA GCAGGGGAAG AGCACCTACC TGTGTTGGTG 840
AGGTTTGTG ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTTA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900
GCCGATGCAG AAATTTTGGC TGTGAAATTT CACACTATGA TAACTGAGAA GTGGGGATTA 960
AATATGGAGT ATTGTCGTGG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTTC TTCCAAATG1020
AAAGTTGTTG CTCTAGACT TTTAGAGAAA TATCCCAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080
TCCTGTGCCT TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTATGGGAGT ATCTGTGCA1140
TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCACAAC TGCTTTTAGA1200
ACTTGACAAC GTAATTGCTG TTCTTTTTC AAGACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAACTGAA1260
GGAAATCTGC CATTCTCAGT GGACAGGCAG GCATGATGCT TTTGAAATTT TAGTGGAAC1320
CCTGCAAGCA CTTGTTTTAT GTTTAGATGG TATAAATAGT GACACAAATA TTAGNATGG1380
AATAACTATA TAGCTGGCCG AGCATTNNGT ACTCTGCAGT GCAGTGTGAG ATTTTGATTT1440
CATTGTGTA ATTTGTTGTC TTAAAAATGT CTATCTTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAA1500
CCTNCCANGG GGCAAACTC GTGATGTCTT CTTTGC GGCC GGTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560
TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTTGGT1620
TTGAGGAAGC CACAAATTTG GCAACCAAAC TTGATATTCA AATGAAACTC CCTGGGAAAT1680
TCCGCAGAGC TCACCNAGG GTAACCTTGA ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740
AAGAAACCCN TAAGTGTCCT AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAACTTAA AGATATATTC1800
TCAGAACAGC ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCTCAGT CATGGGACAA1860
CTCAAATTCA ATACGNTCNG GAGGAACACC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCCA1920
ATCTGACAC GCTGTGAGCT GAGCTTCATT GTTGGAGAAT CAAATGGAAA CACAGGGGGA1980
AAGATATAGA GCTTCCGTCC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTT2040
TTCCTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTATTCT TCCTGTGATG AAGGTTGAGA2100
ATGAGCGGTA TGAAAAATGG ACGAAAGCGT CTTTAAAGCA TATTTGAGGG AACACTTTGA2160
CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTTGGG TATTAAACA2220
CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAACTCTAT ACAAGTAAGT CAGAGCTTCC2280
TACAGATAAT TCCGAAACTG TGGNAAAATA CCTAAGAGAC TTTTAAAAAT AGGCTTTCTT2340
ATATTTGATA TTTGGAAAGG AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTTAA TCACTAAATA2400
TCTTTGCCTA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460
CCCCTGTTTG AACTCTCAAG CTTTGAAGAC CTACCTGTTC TTCCAGAAGA GAACGTTGAA2520
AGTGCCATGT TTCCNTTTG CGTGATCTCT GTTGATGGCA CTCTGGAATT GTTTCAGTTA2580
AGTCATTTTA GACATAGCAT TTATTATCAC TGTGGNATCT CTACTTGTTG GGTGTTATGA2640
ATTCTTTGNA AGNAAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGGNA GGNAAGGAAT ACNATTTTAT2700
NAAAATGTTG TAGTGNAAGN CCCACAATTN GACCTTTNGA CTAATANGGA GTTTTAAGTA2760
TNGTTAAAAA TNCTATACTG GNNACAGNTT ACAAGAAATT ACCGGAGAAA AGCTTGTGAG2820
CTCACCNAAG CAAGGNATTT NCAGTGTAGA TTTTGTCTNT TCTTGAACNT TNAAAGAAAN2880
CAAATGANCA AAGTTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTGTT CCNACATCTC NGTTGCTGTT2940
NNTACANTTC CNNNTTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCCTA AGCTTTTNA GCANGGTATA3000
```

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060
 TGATTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120
 GATTTATAAG CNAANNCCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180
 AAATATGGAA AATATGCTG TTATTTTTGG TGAAGAAAAT CNAATTTTGT ATAGTTTATT3240
 5 TCAATCTAA TAAATGTGA ATTTGTGTTA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 3292

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:
- 30

GGTAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60
 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120
 ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180
 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAAGT TCTAGAACCA 240
 GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300
 AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360
 GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420
 AAAACTGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480
 40 AAGGTAAAAC CCAAAGGCAA AGTTCGATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540
 TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600
 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660
 AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGA 720
 TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780
 45 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTGGAT 840
 GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900
 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960
 AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAGAACA1020
 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080
 50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGCCGAG GAAAAGATAT CTCACCATC1140
 ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTGGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

AAGGACGCTT GCCTTTTTTC GGTGCGGGAA GGGGGAAGAA GGTAACCTCC GGTGACGGGG 60
 TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTGCGGCGTT TGTGTTGGTG GGTTACACGC GGGTTCAACA 120
 TGCGTATCGA AAAGTGTTAT TTCTGTTTCG GGGCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180
 25 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTTCAAGT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAAGCTTTA 240
 AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGGAAA GCAGCTGGTA 300
 AAGAGCTTAC AGTGGAATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
 ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
 AGAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480
 30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCTT CTTGCAGGCA 540
 AAGGGAAACA GTTGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
 ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTC TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
 TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
 AAAAGACATC TTTCTGTCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
 35 CATCTCAGTG TTAAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
 GTAACATAG AAGTGAATTG TGGACGTAAT ATGGTTGTGC TATTTGGATA ATGGCACTAG 900
 GCAGCATTTG TATAGTAAT AATGGCAAAA ATTCATGGCT AGTGATGTAT AAAATAAAAT 960
 ATTCTTTGCA GTAAATATTT CCTTTGTGTA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAAGGAA1020
 CTAACAATTT GTATGGCAGT GTCAGATATT TTTATTTTAG TATTTCCCTGT TTTGGTTTAT1080
 40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140
 TGACCTGGTT TAACCCCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
 CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
 TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
 GAATCCCGAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGTTTTCTT TTAATAAGCT CCTGTTTTTG1380
 45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTG TACATAAAAT AAAACCATTT1440
 AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC 1467

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 739 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

```
CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCGAG AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCCTACCT GACCCATCAG120
CAAAAGGTGT TCGCGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420
ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGGAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480
25 GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGAGGAA ACGCCACCTG GTGGTCCTTT AACTGAAGCT540
TTGCCCCCTG CCCGAAAAGGA AGGTGATTTG CCCCCACTGT GGTGGTATAT TGTGACCAGA600
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAA AAAAAAAAAA720
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA 739
```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2146 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCC TCTTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120
GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAA 180
5 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAA GCAAATTCAT 300
TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480
10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540
AAAAAATTA TGTTGGTTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTTCG GCAAGCCTTT 600
CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTTAA 660
GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTTGTG 720
GTCATGAAGA CTATCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780
15 ACAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
ATTCGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA 960
GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTCTGGT CCTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT1020
GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG1080
20 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT1140
TCTTAACAAT TCTTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAACATCTA1200
AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTTAAACA1260
TTACCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCATTAGA1320
GTCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATTT TATGGAGAAA TGGGGATAGT1380
25 CTTTCATGAC ACAATAAAT AAAGGAAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTT GAAAAGGTTA1440
TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTTACTTGA1500
CCTTCTTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT1560
AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT1620
CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTG TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA1680
30 ATTGTACTAT TTGTACCAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTTCA TGTGGTGTAT1740
TATTAATAG AAAAAAAAAA TTTTGTTC TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC1800
TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC1860
TGTCTTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTT CTGCTGGATT1920
CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTTCTTTT TCAGCTGTTT GTGCCTTCCT TTCTTGTATC1980
35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT2040
GATGGGAGAC CAAAGAATTT GCAAGTGGAT GGTGTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG2100
CCTGGGAATT CTGCGATT CACTCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2146

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5
CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60
TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120
GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180
TCCTTGTGGC CCTCTCCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240
10 AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAAACTGC CCCAGACCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300
AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360
CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420
TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCCTC AATCTGGTTT 480
ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCCAGG ATTATGTTTG 540
15 TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600
CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAAGTTGC 660
TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720
CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780
TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAATA TTTTTTAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840
20 GGTTC AAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900
CTAAAAAAA AAATAAATGT TTTGGGGGTG TTCTGTTTTC TCCAAAAAAA AAAAAAAAAA 960
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAATTGCC CCCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

25
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTCGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60
CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120
NCCGGGNNTC CTGCCTTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGNGT TTGTCCGCC GGGCCGGGGA 180
CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240
AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATACAT TCCTTTTAAG CAGTATGCAG GCAAATATAT 300
CCTCTTTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTTG AACTGAATGC 360
55 ACTACAAGAA GAACTTGGGC CATTGCTN TGCTCATTCT GGGCTTCCCT TCCAACCAAT 420
TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAAGCTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTTCGNN 480
ACCAGGTNNG GGGGCTTTGT GNCCTAATTN NNNTCCAGNC TCNTTTGAGA AANNGGANGA 540

TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600
CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660
CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720
TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780
5 TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840
CACCCCTACCC CTACCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900
GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960
AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020
CCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTTGAAACC CANGGGNATG1080
10 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTCT1140
GTTCCAAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200
CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCNTTGGG GNCCANGCAT CNTCCACAT NGCCCACACN1260
TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320
AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380
15 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCGNA AGCCCTTGTN1440
GGGNCGGNGC CTCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500
GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560
TGTCCTACTG TATCTCAACA CCCCCATCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAA1620
AAAAAAGAAA AAAAAAAGAAA AAAAAAAGAAA GG 1652

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60
CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120
ACCCCTCGATT GGTTTTTCCT GCCATTTAGA TGTTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180
ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240
50 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTTCAA AATGAGAGAA 300
ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTTGTA TGGCCTTGGT 360
TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGGAAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420
CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTTCGAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480
AGGTTTATC TCTGGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540
55 GGCCCATTTT ATTGTCTGCC TTTCAGTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTTAA 600
TAAAAAGAAA AAAAAAAGCG CATTCAAGTT AAATTGGCC TTAATTTAAT ATACTTGTTA 660
GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAAACTTTA 720
CCGACTTGAG TTTGGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780

ATTTCCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840
GGACCATCAG TTTTGCACCT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900
TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960
TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTGCGT TCAGCGAAAC TTAAAAAGA1020
5 CAAGAAACTA CTGAGGAGCT TAGTAACTGC TGTTTCTGTA CGTAGTGTTT AATCTTCCAA1080
GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140
TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TTACTATCTG1200
CCAGGAACCTG GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260
TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320
10 CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380
GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG 1409

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

CCCACGCGTC CCGGAAACGG CGGCGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60
AAGTCGGGGA TCCCAGAAAG AGAAGCGTGA CCCGGAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120
40 CTCCGGCCTG CCAGTGAGCT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180
CAGAGGAGCT ACTGCGGCAG AACCAGAGGG CCCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240
GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATT AAGAAGATGG300
CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTCGCA TCATGGCAAA AGACTTGGTG CGCACCCGGC360
GCTATGTGCG CAAGTTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAAGATCC420
45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTACC AAGGCCATGG480
GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCC AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTTGAGC540
GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCCA600
TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCAGGTT CTGGATGAGC660
TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTCGA ACCTCCCCTC AACTGGGGGC TCGCTTAGTG720
50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG CAGCCTCAGC CCTAGCTGAT GCTGATGCAG780
ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCTGCCA CTCCGAGATA840
ACCAAGTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCACA ACCCTCTGT AATAAAGAG ATTTGACACT900

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

GGGCCCCGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGGCGC GGGGAACCTGA AAGCCGGAAG 60
GGGCAAGACG GGTTTCAGTTC GTCATGGGGC TGTTTGGAAA GACCCAGGAG AAGCCGCCCA 120
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180
25 AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360
ACCAGCTCGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420
CCATGCAAAG TCTTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTTGAA AGCATGGACG 540
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAAATCTC TTTGAAATTA 600
CAGCAGGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGA CTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720
TGCACTCCCG GCTGGCCACA CTCCGCAGCT AGGGGCTGCC TACCCGCTG GGTGTGCACA 780
35 CACTCCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTTGCAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840
TACCATTTTG GAGAAGGTTT TGTGTGTCTC TTTTCATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTT TAG GAGTATAGAC 960
AGATATATCT TATTGTGGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020
ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080
40 GAATTTTAAT AAATTTTTCG TTTAGCACTT GGCCCCATTG TAGATTGCCC TGTGCAGTAA1140
ACTTT 1145

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1836 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

```

GTTGCGACAT GCAGTGC GCC GGAGGA ACTG TGCTCTTTGA GGCCGACGCT AGGGGCCCCGG 60
AAGGGAAACT GCGAGGCGAA GGTGACCGGG GACCGAGCAT TTCAGATCTG CTCGGTAGAC 120
15 CTGGTGCACC ACCACCATGT TGGCTGCAAG GCTGGTGTGT CTCCGACAC TACCTTCTAG 180
GGTTTTCCAC CCAGCTTTCA CCAAGGCCTC CCCTGTTGTG AAGAATTCCA TCACGAAGAA 240
TCAATGGCTG TTAACACCTA GCAGGGAATA TGCCACCAA ACAAGAATTG GGATCCGGCG 300
TGGGAGAACT GGCCAAGAAC TCAAAGAGGC AGCATTGGAA CCATCGATGG AAAAAATATT 360
TAAAATTGAT CAGATGGGAA GATGGTTTGT TGCTGGAGGG GCTGCTGTTG GTCTTGGAGC 420
20 ATTGTGCTAC TATGGCTTGG GACTGTCTAA TGAGATTGGA GCTATTGAAA AGCTGTAAT 480
TTGGCCTCAG TATGTCAAGG ATAGAATTCA TTCCACCTAT ATGTA CTAG CAGGGAGTAT 540
TGGTTTAAAC GCTTTGTCTG CCATAGCAAT CAGCAGAACG CCTGTTCTCA TGAAC TTCAT 600
GATGAGAGGC TCTTGGGTGA CAATTGGTGT GACCTTTGCA GCCATGGTTG GAGCTGGAAT 660
GCTGGTACGA TCAATACCAT ATGACCAGAG CCCAGGCCCA AAGCATCTTG CTTGGTTGCT 720
25 ACATTCTGGT GTGATGGGTG CAGTGGTGGC TCCTCTGACA ATATTAGGGG GTCCTCTTCT 780
CATCAGAGCT GCATGGTACA CAGCTGGCAT TGTGGGAGGC CTCTCCACTG TGGCCATGTG 840
TGCGCCAGT GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT 900
CTTTGTGTCC TCATTGGGAT CTATGTTTCT TCCACCTACC ACCGTGGCTG GTGCCACTCT 960
TTACTCAGTG GCAATGTACG GTGGATTAGT TCTTTTCAGC ATGTTCTTTC TGTATGATAC1020
30 CCAGAAAGTA ATCAAGCGTG CAGAAGTATC ACCAATGTAT GGAGTTCAA AATATGATCC1080
CATTAAC TCG ATGCTGAGTA TCTACATGGA TACATTAAAT ATATTATGC GAGTTGCAAC1140
TATGCTGGCA ACTGGAGGCA ACAGAAAGAA ATGAAGTGAC TCAGCTTCTG GCTTCTCTGC1200
TACATCAAAT ATCTTGTTTA ATGGGGCAGA TATGCATTAA ATAGTTTGTA CAAGCAGCTT1260
TCGTTGAAGT TTAGAAGATA AGAAACATGT CATCATATTT AAATGTTCCG GTAATGTGAT1320
35 GCCTCAGGTC TGCCTTTTTT TCTGGAGAAT AAATGCAGTA ATCCTCTCCC AAATAAGCAC1380
ACACATTTTC AATTCTCATG TTTGAGTGAT TTTAAATGT TTTGGTGAAT GTGAAAAC1440
AAGTTTGTGT CATGAGAATG TAAGTCTTTT TTCTACTTTA AAATTTAGTA GGTTCAGTGA1500
GTAAC TAAA TTTAGCAAAC CTGTGTTTGC ATATTTTTTT GGAGTGCAGA ATATTGTAAT1560
TAATGTCATA AGTGATTTGG AGCTTTGGTA AAGGGACCAG AGAGAAGGAG TCACCTGCAG1620
40 TCTTTTGT TT TTTAAATAC TTAGA ACTTA GCACTTGTGT TATTGATTAG TGAGGAGCCA1680
GTAAGAAACA TCTGGGTATT TGGAAACAAG TGGTCATTGG TTACATTCAT CTGCTGAACT1740
TAACAAA ACT GGTTCATCC TGGAAACAGG CACAGGTGAA TGCATTCTCT CTGCGGTTGG1800
CTCCCCAGTG GCCCGCCTTC CCATATAGGA TGTGGG 1836
```

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

	TGAAGTTCTA	AGAGCTTTCC	AAGTTTGGGA	AGGTGTCGGG	GTTTTCTGCG	ATTACTTCTC	60
	TGAGCATGAA	CGGAAGTCAC	CCTTGTGCC	TTATGCGGTG	ATTTTAATGA	TAGGTGTCAT	120
15	ATATAGGACG	GAGTAATCTG	TTTACATTCT	GTTCTTCTCG	ATGCACTCAC	AAGCGGGTAA	180
	CTAGGTGACA	AGAAAAACAA	GATCTTATTC	AAAAGAGGTC	TTACAGCAAC	CCAACGTCTC	240
	ATCTTCCCCT	AGTAAAGATG	ACGGCGCCTT	GAGGTAAGCT	ACAGGCAACA	CCACTTCCGC	300
	GTTTCTCTTG	CGCCCTGGTC	CAAGATGGCG	GATGAAGCCA	CGCGACGTTG	TGTGTCTGAG	360
	ATCCCGGTGC	TGAAGACTAA	CGCCGGACCC	CGAGATCTGT	AGTTGTGGGT	GCAGCGACTG	420
20	AAGGAGGAAT	ATCAGTCCCT	TATCCGGTAT	GTGGAGAACA	ACAAGAATGC	TGACAACGAT	480
	TGGTTCGGAC	TGGAGTCCAA	CAAGGAAGGA	ACTCGGTGGT	TTGGAAAATG	CTGGTATATC	540
	CATGACCTCC	TGAAATATGA	GTTTGACATC	GAGTTTGACA	TTCTATCAC	ATATCCTACT	600
	ACTGCCCCAG	AAATTGCAGT	TCCTGAGCTG	GATGGAAAGA	CAGCAAGAT	GTACAGGGGT	660
	GGCAAAATAT	GCCTGACGGA	TCATTTCAAA	CCTTTGTGGG	CCAGGAATGT	GCCCAAAATT	720
25	GGACTAGTCT	ATCTCATGGC	TTCTGGGGCTG	GGTCCATGGC	TGGCAGTGGA	AATCCCTGAT	780
	CTGATTTCAGA	AGGGCGTCAT	CCAACACAAA	GAGAAATGCA	ACCAATGAAG	AATCAAGCCA	840
	CTGAGGCAGG	GCAGAGGGAC	CTTTGATAGG	CTACGATACT	ATTTTCTCTG	GCATCACACT	900
	TAACTCATCT	AACTGCTTCC	CCGGACACCC	TCCACCTCTA	GTTGTTACTA	AGTAGCTGCA	960
	GTAGGCATTG	CTGGGGAAGA	AACAACACACA	CACCAAACAG	TACTGCTACT	TAGTTTCTAA	1020
30	GGCTGCACAG	GGAAGGGAAA	GACTGGGCTT	TGGACAATCT	AGAGGTAAAT	TATATCCGCC	1080
	CCCAGTTGGA	GCAACATGCG	ATTCTGGAGG	CACGGGGGTA	ACTGAAAGTG	AGTACATATA	1140
	GTCCTTCTGG	TTTCTGGAGA	TAACCCATCA	ATAAAAGCTG	CTTCTCTG	TAAAAAAAAT	1200
	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA					1220

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ.ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) **MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

```
5 CGCAGTGC GC AGGCGTGGGG CTCTCTCCTT GTCAGTCGGC GCCGCGTGC GGCTGGTGGC 60
TCTGTGGCAG CGGCGGCGGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
CGCCGCGCCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTTCCCTCAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
ATCTCCATTT CATGATATTC CAATTTATGC AGATAAGGAT GTGTTTCACA TGGTAGTTGA 240
AGTACCACGC TGGTCTAATG CAAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACCCTAT 300
TAAACAAGAT GTGAAAAAAG GAAAACTTCG CTATGTTGCG AATTTGTTCC CGTATAAAGG 360
10 ATATATCTGG AACTATGGTG CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
ACATACTGGC TGTGTGGTG ACAATGACCC AATTGATGTG TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATTGGCTA TGATTGACGA 540
AGGGGAAACC GACTGGAAAG TCATTGCCAT TAATGTGGAT GATCCTGATG CAGCCAATTA 600
TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTGGACTG 660
15 GTTTAGAAGG TATAAGGTTT CTGATGGAAA ACCAGAAAAT GAGTTTGCCT TTAATGCAGA 720
ATTTAAAGAT AAGGACTTTT CCATTGATAT TATTAAAAGC ACTCATGACC ATTGGAAAAGC 780
ATTAGTGACT AAGAAAACGA ATGGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTTGTCTGA 840
GAGCCCCTTC AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCACC 900
CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGGTTCCATC ACCAGAAAAA 960
20 CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTTCAT CTGGATGTAT1020
TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTTCAAAGCT TTAAATTTGT AGAACTCATC TAACTAAAGT1080
AAATTCTGCT GTGACTAATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTTTCAT1140
ATCTCAACTA AGATAACTTT TAGCACATGC TTAAATATCA AAGCAGTTGT CATTTGGAAG1200
TCACTTGTGA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA1260
25 GGAATAAAAA TTATTTTGCT GAAACTTGGA AAAAAAAAAA AAA 1303
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

```
50 CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
TGGACGTGGA ATGGGCGGAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTTGATAG 120
GCATAGTGGA AGTGATAGAT CTGGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
55 TCACAACTGG GGAAGTGTCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
AATATCTTAT AATTACAGTG ACTTGGATCA ATCAAATGTG ACTGAGGAAA CACCTGAAGG 300
TGAAGAACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAA 360
```

```

AGAGGAGGGT CAAAAGAGA TGA CTTTGA TGAGTGAAG GCTATTCAA ATAAGGACCG 420
GGCAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGAAGAA 480
GGGATTTGTT CTTTATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540
CCATCATTTC CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600
5 CCTTGGCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660
CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720
AGAGGCATT CAGCTCTGG CTTAACTGGA TGCCATAAGA CAACCTGGT TCCTTTGTGA 780
ACCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAAAAA 840
AAAAAGACTG TCATTACAT CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAA 900
10 GAACTTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTGTAT TTAGAAATGT 960
ATTGGTAGCA GGGATGTTTT CATAATTTTC AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT1020
GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC1080
CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCCAAT1140
TACAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CCTGCTTTGC ATATTCACAC1200
15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACCTTGAT TTGTCAAAT TTATGCTGTG TGGAATACTA1260
ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTAATAT TTTTATTTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC1320
TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT1380
GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCCAT1440
TGGGGTCCAA ATTATAACTG ATTTACATTT TCAGCGATAT TACTTTTAAA TGCCTGAGTT1500
20 CCCATTTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA1560
CGGGCCAG 1568

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

```

40 KQVKCAKVS Y LLFLFYCAI DSCIKFVNAG SSWLSSVT LW SMSSVLSAS NVGRVRIKSE 60
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YLSYSSAAL120
VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

Name: 275 Len: 143 Check: 15DA
MSLVLDEFYS SLRVVGVS AV LGTGLDEL FV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
10 QQREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
HEEPAFQNFEM QESMAQYWK R NNK 143

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

30 IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
35 T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQGAL60
RDVGGLFVLH VDVLLQHLLPM PQLCQVLLD 89

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPA CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNPNHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120
ETSEQEQKHK ETNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLE EILILMGKQN180
IPLDGHEADE IPEGLFTPDN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240
ICESCIREET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEHLPVLV RFVDESHNLR EEFIGFLPYE300
ADAEILAVKF HTMITEKWGL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360
SCALNMWLAK SVPVMGVSA LGTIEEVCSE FHXITTTAFR T 401

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIELPSTI 60
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

20

```
GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGR TL RRSRPRSRPT AKVAEIRDQK120
ADKKRGEGED EVEEESTALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTGRWK180
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEKESEEA ILADDDEPCK KCGLPNHPEL ILLCDSCDSG240
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHKLCE KLEEQLQDL D VALKKKERAE RRKERLVYVG300
ISIENIIPPQ EPDFSSEDQEE KKKDSKSKA NLLERRSTR RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360
DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHRGKDIST ILDEKIIT 398
```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

45

```
SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLEYFHL PRVREPVRT LPLGFTLLTL EFVSFSDFFK ISFLSVFCKA180
VDSSTSSSP SPLFLSAF 198
```

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 202 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 GRLPFSGRGR GKKVTSGDGV ASLPLKLGRL FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60
VRNDCKVFRF CKSKCHKNF KKRNPVKVRW TKAFRKAAGK ELTVDNSFEE EKRRNEPIKY120
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTFRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRT60
ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

10 RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60
RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120
YDCYKVPWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

35 PLVPSFPSAV SSTVLWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCMAY 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPILLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPRWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPILLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

RLSCAGTILSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLRGWG DQLIWQTQYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPCNCRPS PEVGVTNSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

35

GGXGXQLLXP XAXQGXPAA S CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60
MDLHGFPKEX GXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120
WXRTYLR LGS ISEFSPGSCL PNWLEGKPRM TXAKWPKFFL 160

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60
XEXMXXGFEQ NXXGPXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXXMDH XXGFQXRQIR120
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPOHQAGS DSLTGMFAFF KMREMFEDH IDDAKYCGHL60
YGLGSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

IKAKFNLNFA FFFFLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTILKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKLPIQIKIM MEFERQAEIM DMKEEMMND A IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAAALA DADADLEERL KNLRRD 226

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120
FSCLFMVPMA LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLR 166

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

(A) LÄNGE: 233 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

15

KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGESEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

20

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

40

LMPEQSQNLQ ERWLPQRMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120
SAHEALLKI 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

45

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5
TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
10 MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30
RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
35 MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

40 (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSyrQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YRGGKICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGV180
QHKEKCNQ 188

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLLWE DETLGCKTS FE 172

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 320 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKOVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDCK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60
AEAASAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEVSMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLP CRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSIFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETS NL YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180
FWNEPVPRSG PNIELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60
VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120
ETELQQELIL PGEKHVTSL TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180
PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNEVVCF 208

Patentansprüche

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 35 5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 40 17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.
5. 21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
- 35 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.
- 40 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.
- 45 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 50 31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 30 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 40 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

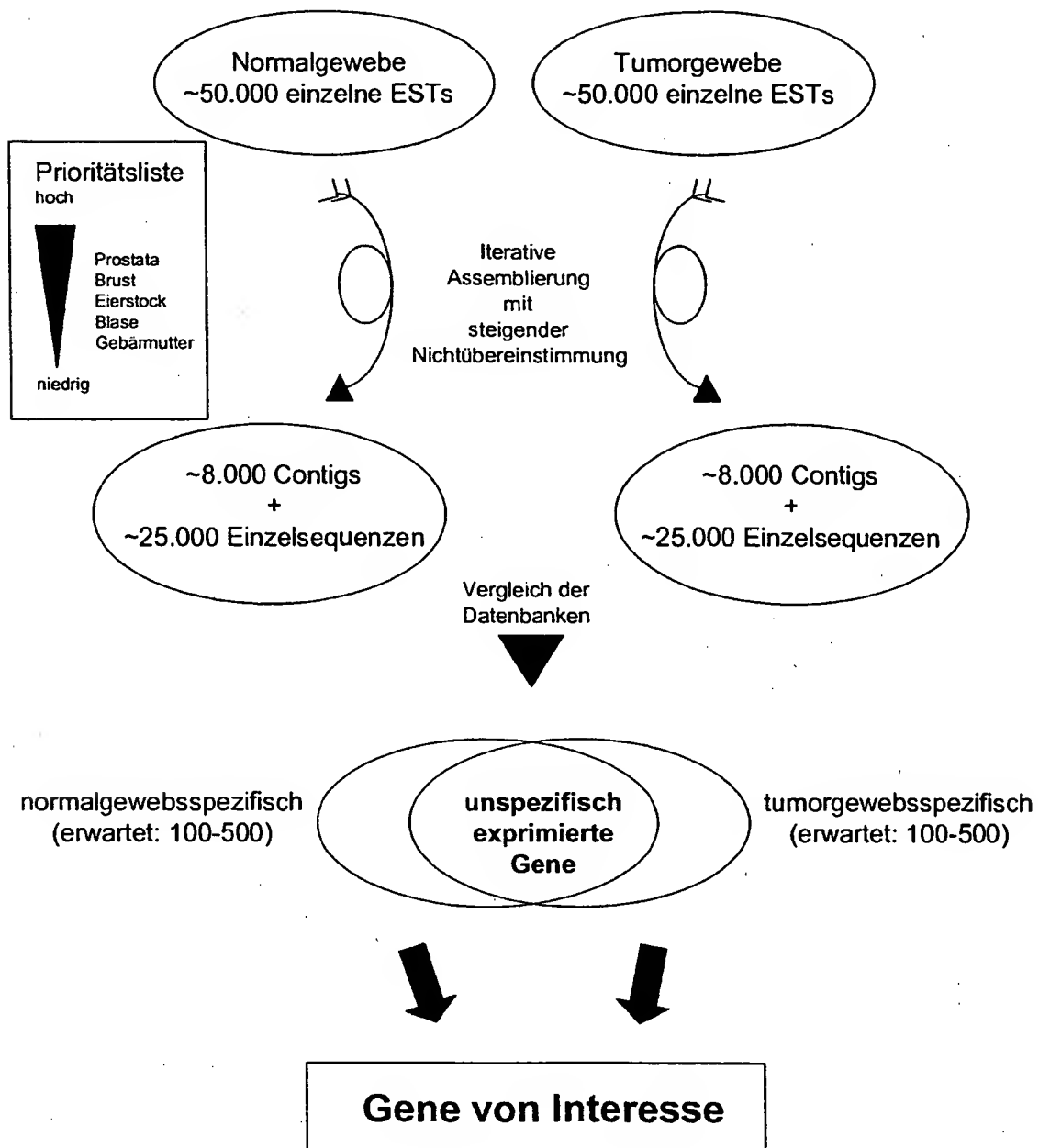


Fig. 1

ERSATZBLATT (REGEL 26)

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

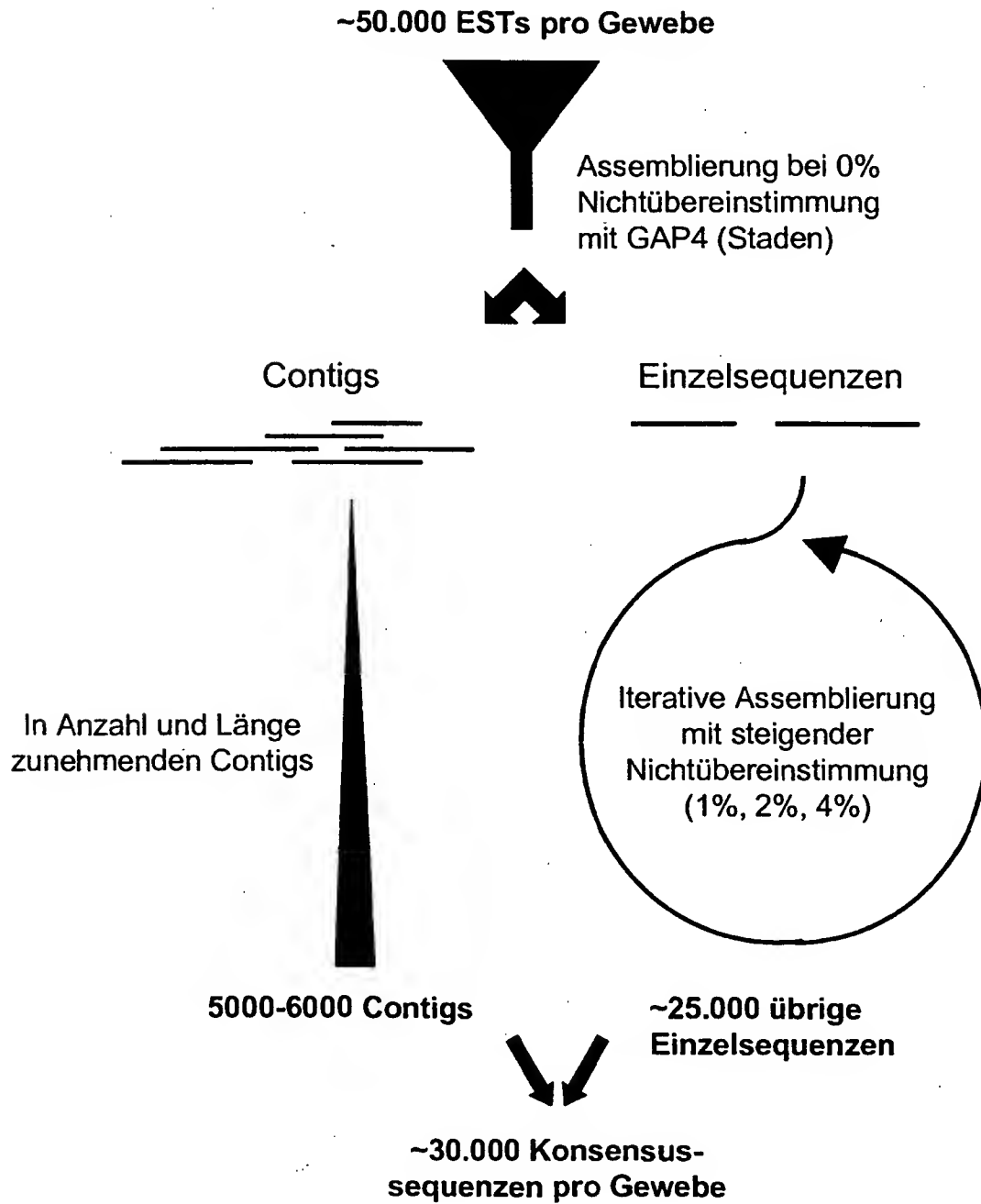


Fig. 2a

ERSATZBLATT (REGEL 26)

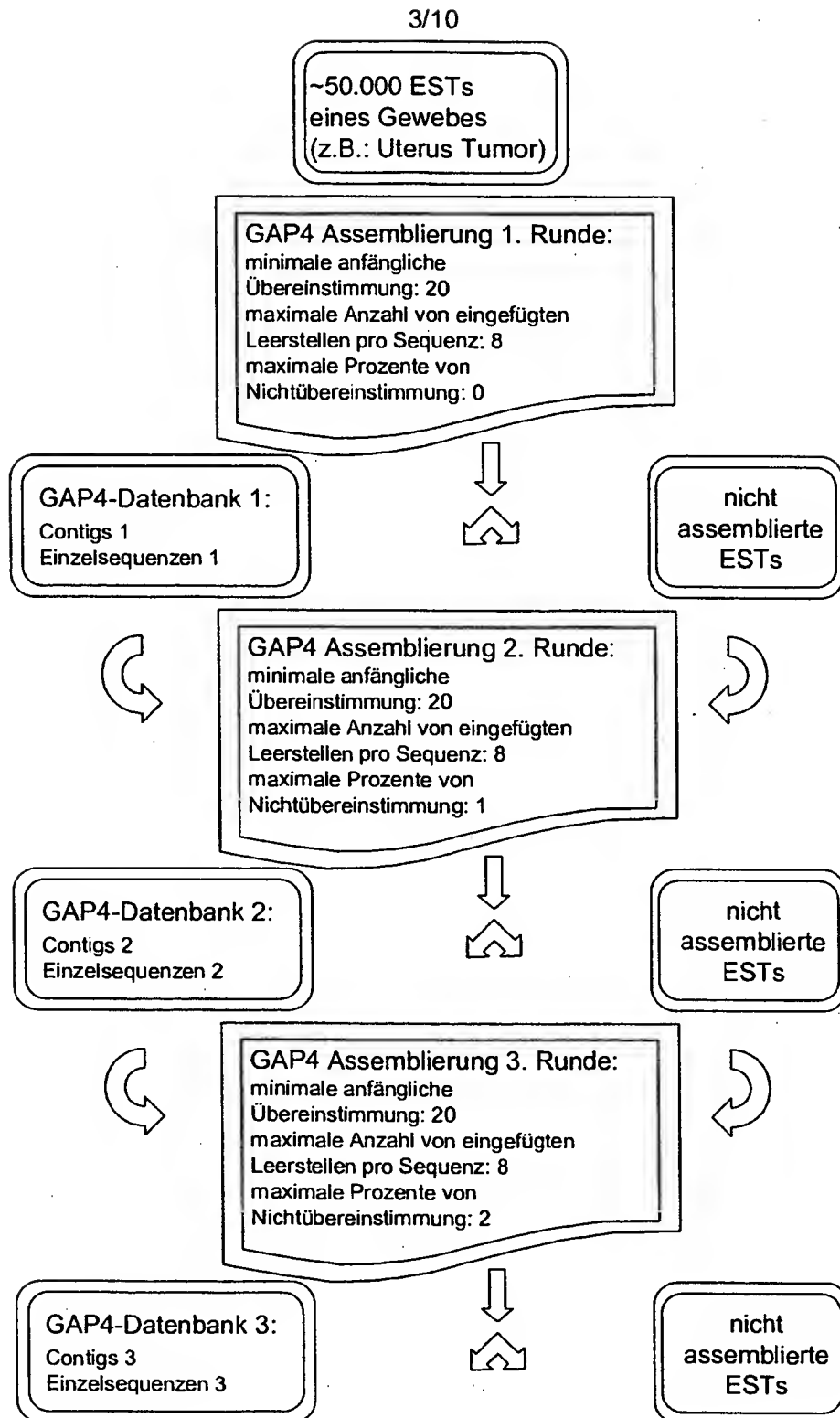


Fig. 2b1

4/10

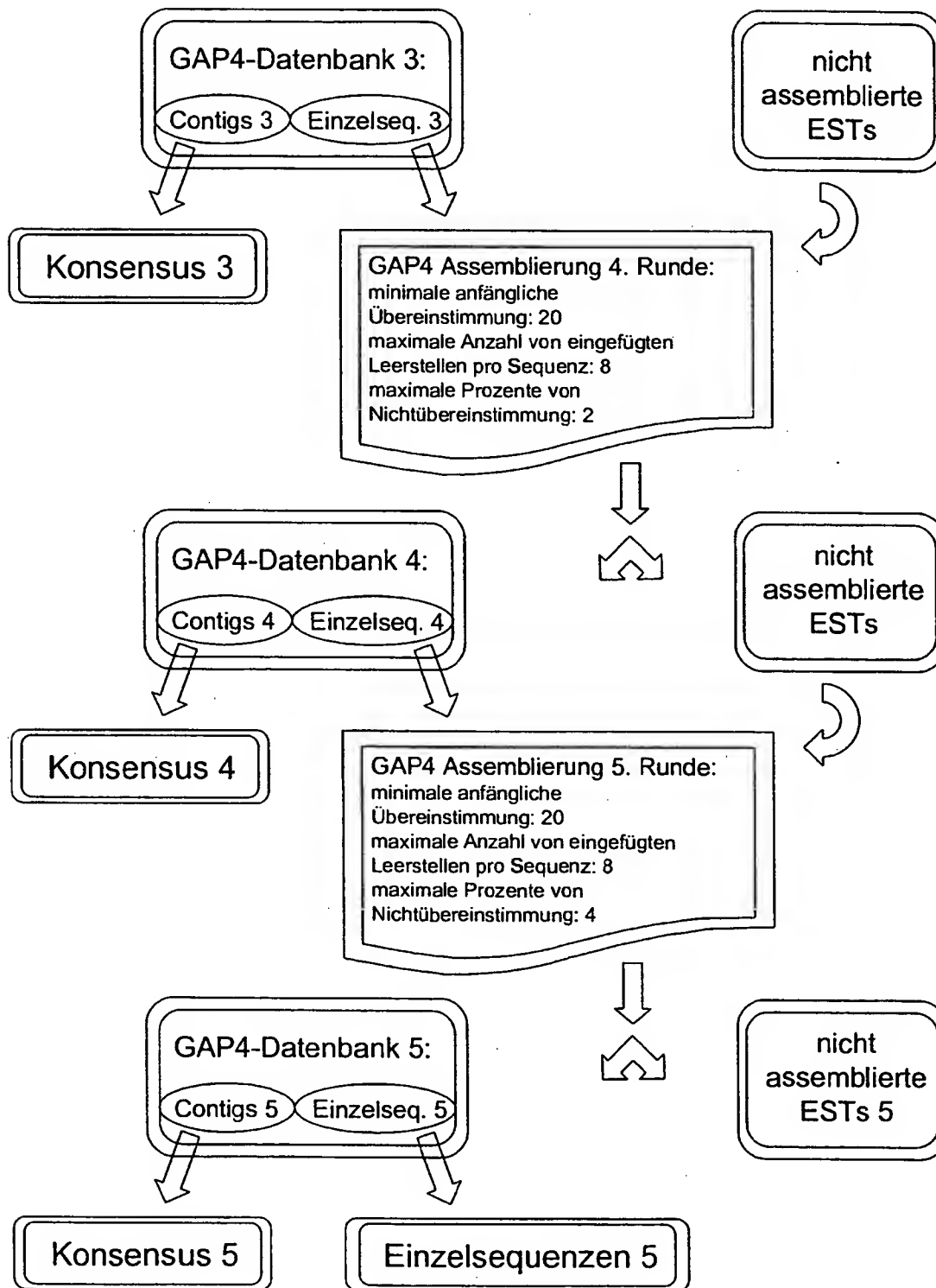


Fig. 2b2

5/10

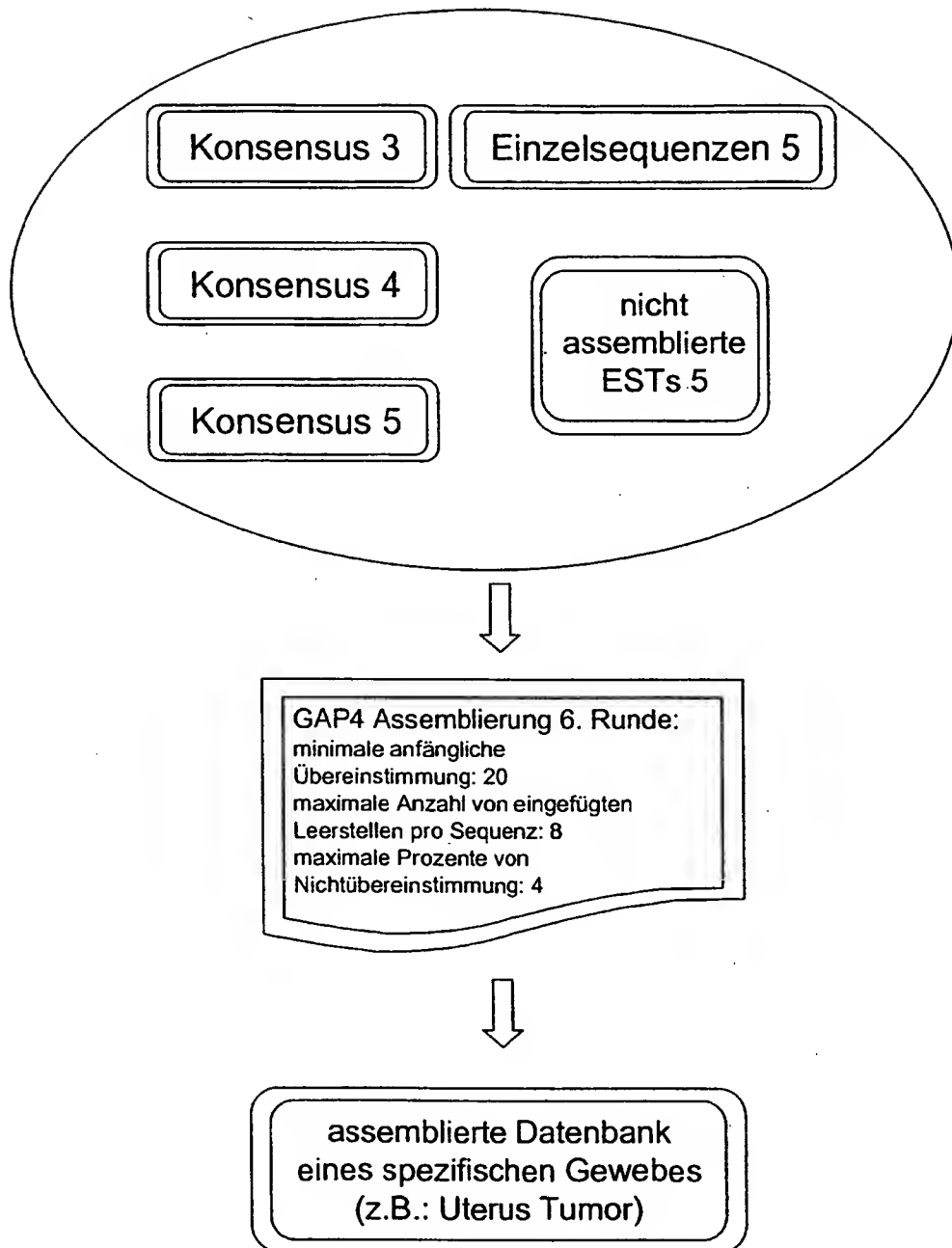


Fig. 2b3

6/10

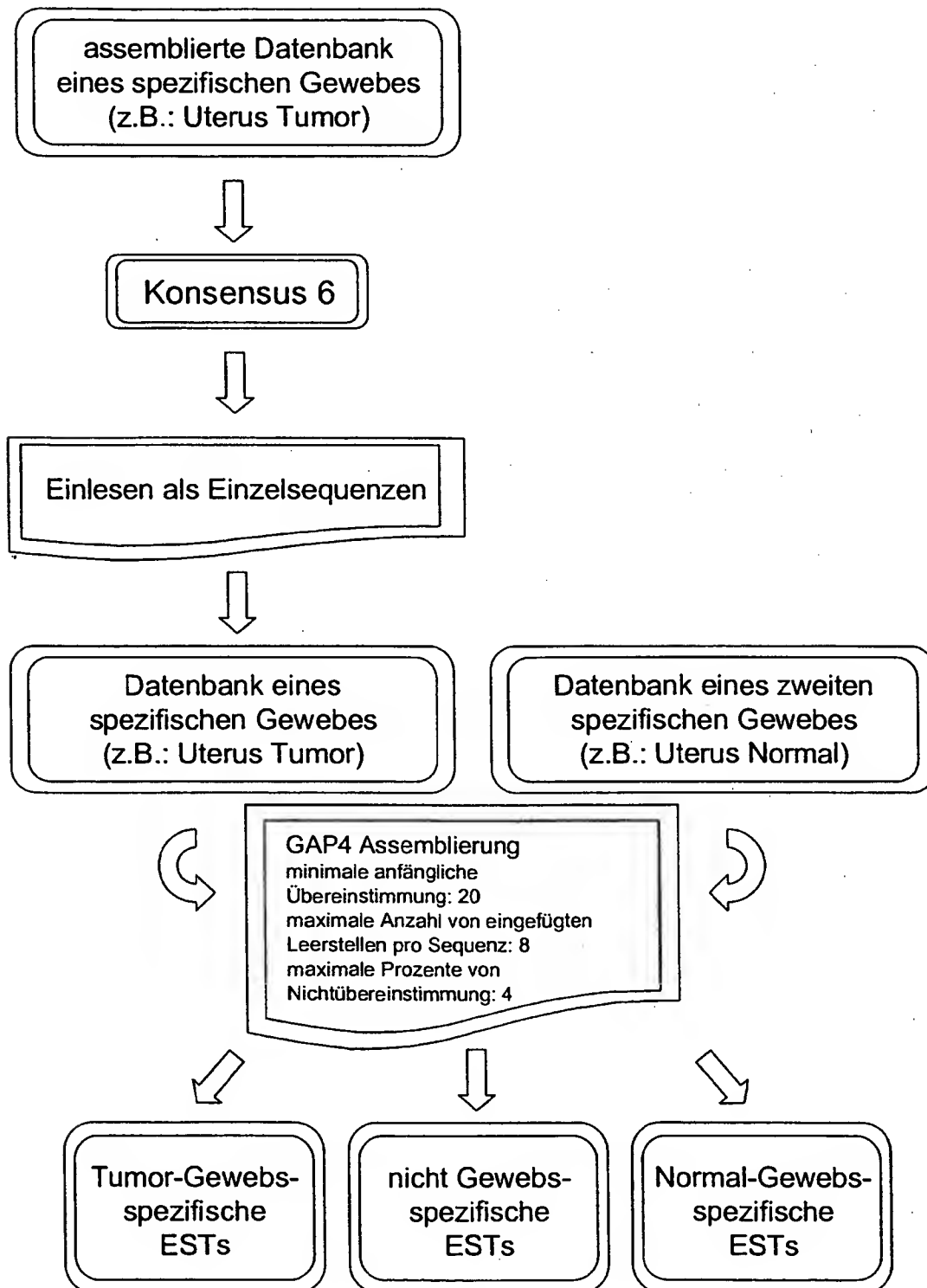


Fig. 2b4

7/10

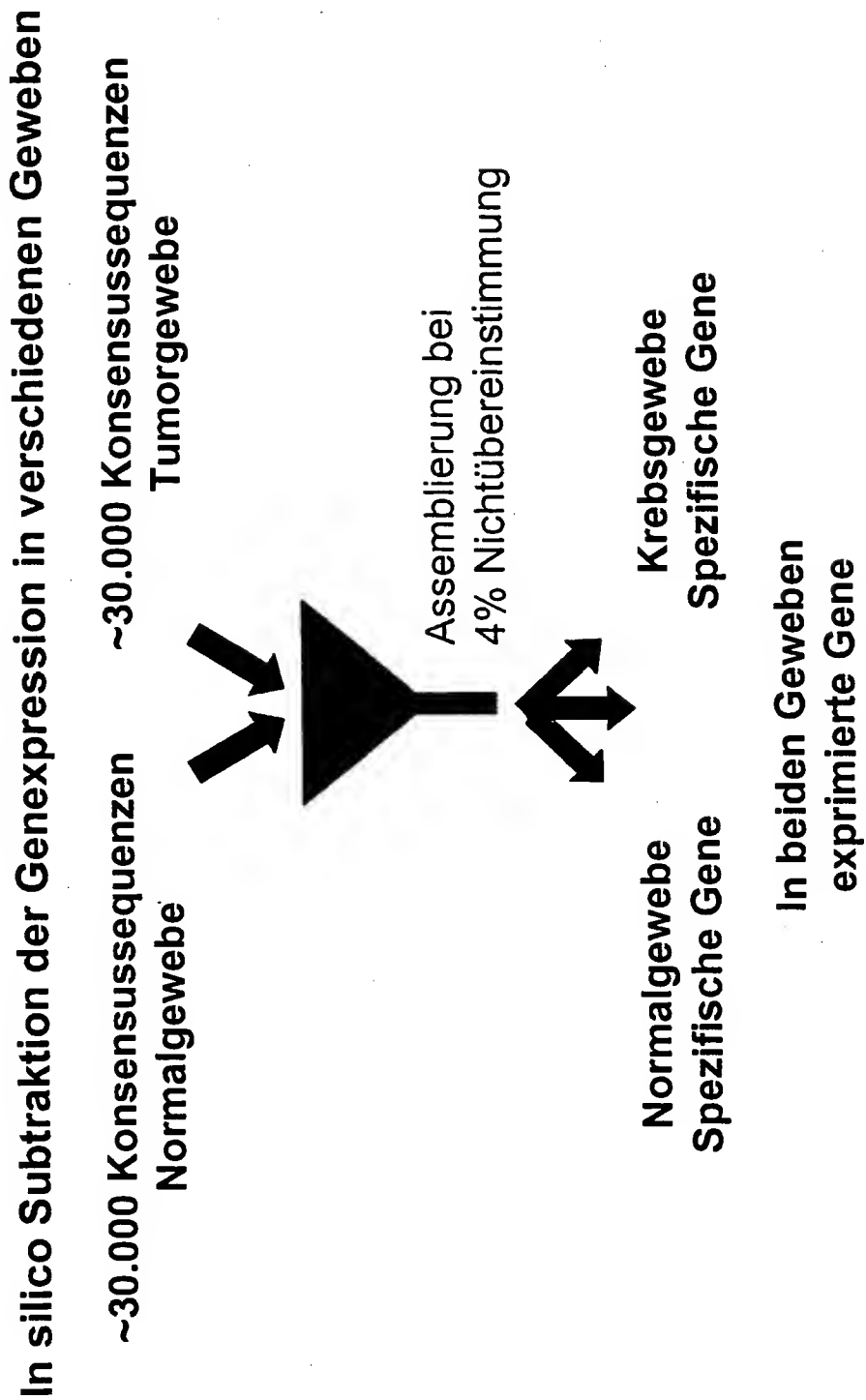


Fig. 3

8/10

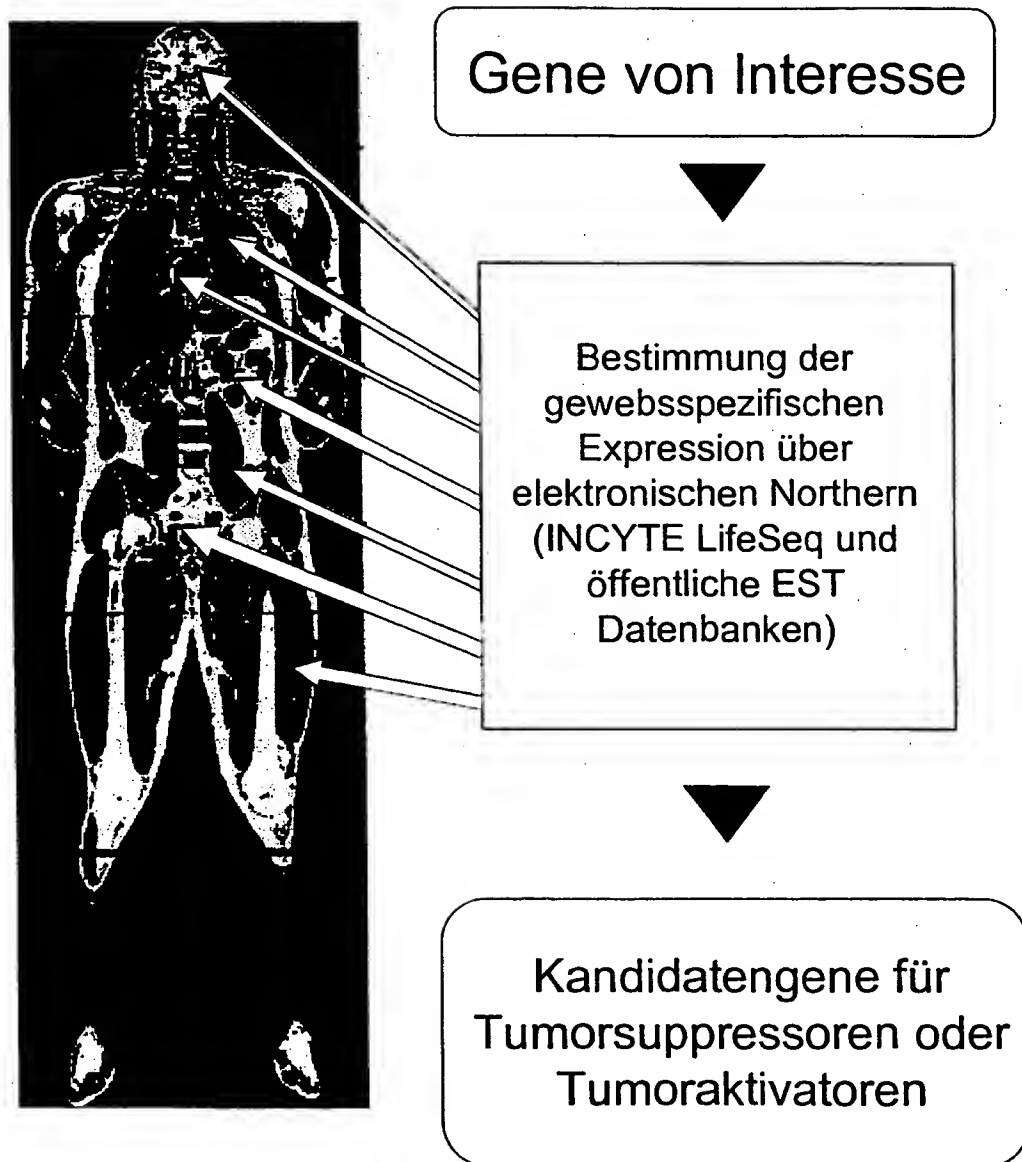


Fig. 4a

9/10

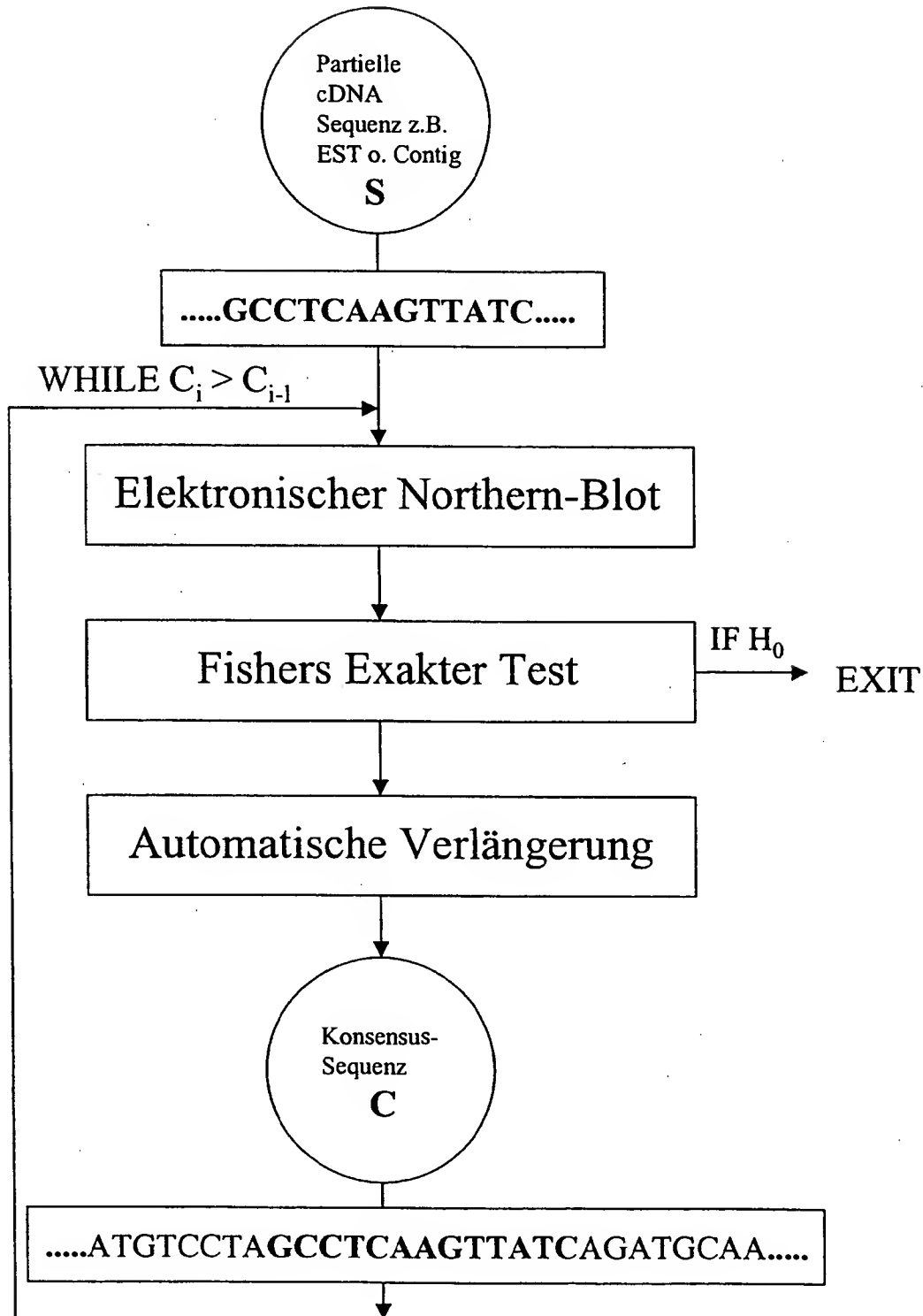
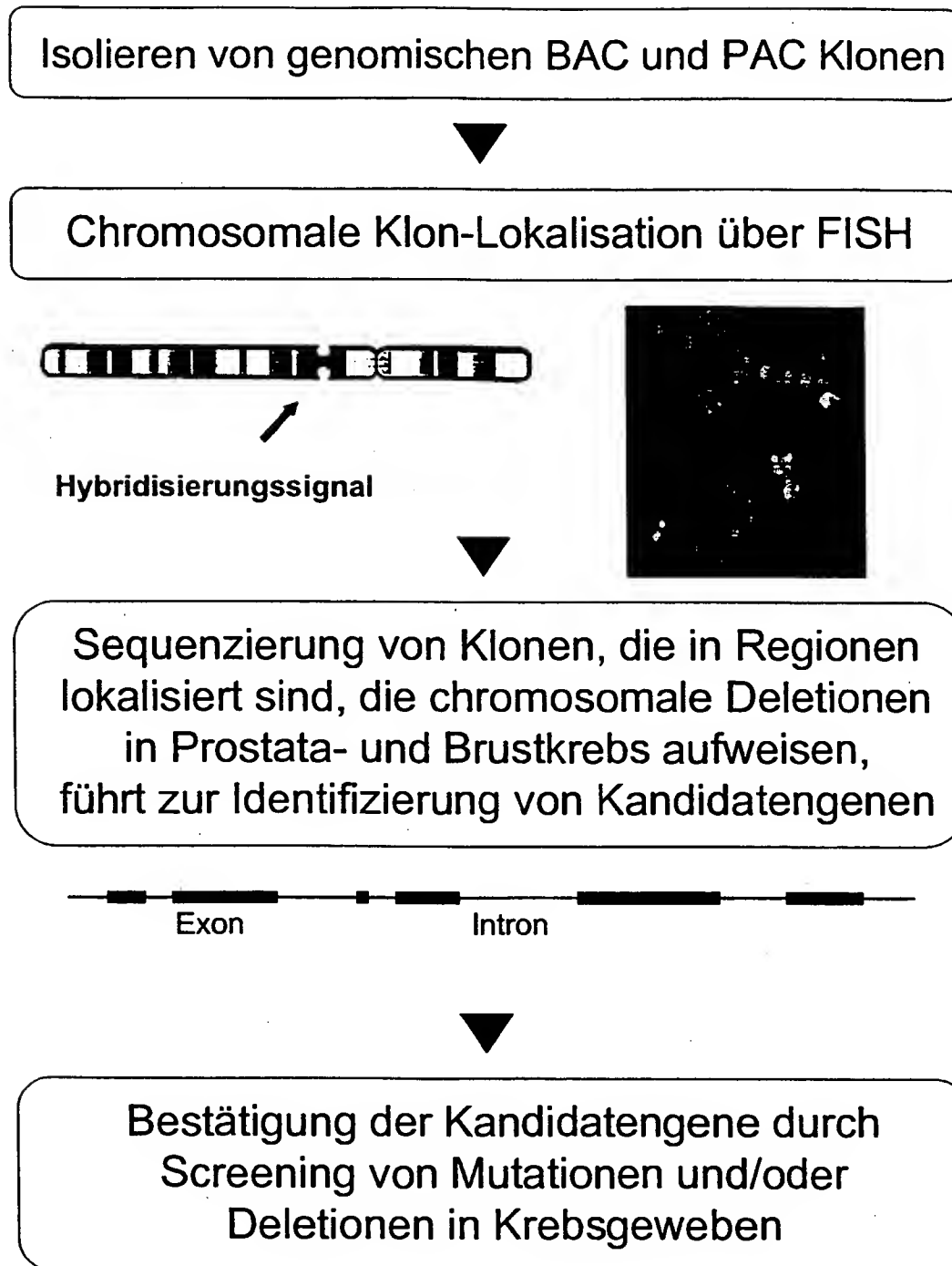


Fig. 4b

10/10



BEST AVAILABLE COPY

Fig. 5

ERSATZBLATT (REGEL 26)

BEST AVAILABLE COPY